

UNIVERSIDADE DE LISBOA  
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA



UNIVERSIDADE  
DE LISBOA



AVALIAÇÃO DA EVOLUÇÃO GENÉTICA DE UM EFETIVO DE BOVINOS  
ABERDEEN-ANGUS

INÊS OLIVEIRA BERNARDO MARÇAL ANTUNES

ORIENTADOR:  
Doutor João Nestor das Chagas e Silva

TUTOR:  
Dr. João Diogo Ferreira Bernardo Bragança

2021



UNIVERSIDADE DE LISBOA  
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA



UNIVERSIDADE  
DE LISBOA



AVALIAÇÃO DA EVOLUÇÃO GENÉTICA DE UM EFETIVO DE BOVINOS  
ABERDEEN-ANGUS

INÊS OLIVEIRA BERNARDO MARÇAL ANTUNES

JÚRI

PRESIDENTE

Doutor Luís Lavadinho Telo da Gama

VOGAIS

Doutor José Pedro da Costa Cardoso de  
Lemos

Doutor João Nestor das Chagas e Silva

ORIENTADOR:

Doutor João Nestor das Chagas e Silva

TUTOR:

Dr. João Diogo Ferreira Bernardo Bragança

### Anexo 3 – DECLARAÇÃO RELATIVA ÀS CONDIÇÕES DE REPRODUÇÃO DA TESE OU DISSERTAÇÃO

Nome: Inês Oliveira Bernardes Marçal Antunes  
Título da Tese ou Dissertação: Avaliação da Evolução Genética de um efetivo de bovinos Aberdeen-Angus  
Ano de conclusão (indicar o da data da realização das provas públicas): 2021  
Designação do curso de  
Mestrado ou de  
Doutoramento: Mestrado Integrado de Medicina Veterinária  
Área científica em que melhor se enquadra (assinale uma):

- ☐ Clínica ☐ Produção Animal e Segurança Alimentar  
☒ Morfologia e Função ☐ Sanidade Animal

Declaro sobre compromisso de honra que a tese ou dissertação agora entregue corresponde à que foi aprovada pelo júri constituído pela Faculdade de Medicina Veterinária da ULISBOA.

Declaro que concedo à Faculdade de Medicina Veterinária e aos seus agentes uma licença não-exclusiva para arquivar e tornar acessível, nomeadamente através do seu repositório institucional, nas condições abaixo indicadas, a minha tese ou dissertação, no todo ou em parte, em suporte digital.

Declaro que autorizo a Faculdade de Medicina Veterinária a arquivar mais de uma cópia da tese ou dissertação e a, sem alterar o seu conteúdo, converter o documento entregue, para qualquer formato de ficheiro, meio ou suporte, para efeitos de preservação e acesso.

Retenho todos os direitos de autor relativos à tese ou dissertação, e o direito de a usar em trabalhos futuros (como artigos ou livros).

Concordo que a minha tese ou dissertação seja colocada no repositório da Faculdade de Medicina Veterinária com o seguinte estatuto (assinale um):

1. ☒ Disponibilização imediata do conjunto do trabalho para acesso mundial;
2. ☐ Disponibilização do conjunto do trabalho para acesso exclusivo na Faculdade de Medicina Veterinária durante o período de ☐ 6 meses, ☐ 12 meses, sendo que após o tempo assinalado autorizo o acesso mundial\*;

\* Indique o motivo do embargo (OBRIGATÓRIO)

Nos exemplares das dissertações de mestrado ou teses de doutoramento entregues para a prestação de provas na Universidade e dos quais é obrigatoriamente enviado um exemplar para depósito na Biblioteca da Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade de Lisboa deve constar uma das seguintes declarações (incluir apenas uma das três):

1. É AUTORIZADA A REPRODUÇÃO INTEGRAL DESTA TESE/TRABALHO APENAS PARA EFEITOS DE INVESTIGAÇÃO, MEDIANTE DECLARAÇÃO ESCRITA DO INTERESSADO, QUE A TAL SE COMPROMETE.
2. É AUTORIZADA A REPRODUÇÃO PARCIAL DESTA TESE/TRABALHO (indicar, caso tal seja necessário, nº máximo de páginas, ilustrações, gráficos, etc.) APENAS PARA EFEITOS DE INVESTIGAÇÃO, MEDIANTE DECLARAÇÃO ESCRITA DO INTERESSADO, QUE A TAL SE COMPROMETE.
3. DE ACORDO COM A LEGISLAÇÃO EM VIGOR, (indicar, caso tal seja necessário, nº máximo de páginas, ilustrações, gráficos, etc.) NÃO É PERMITIDA A REPRODUÇÃO DE QUALQUER PARTE DESTA TESE/TRABALHO.

Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade de Lisboa, 10 de Julho de 2021

(indicar aqui a data da realização das provas públicas)

Assinatura: Inês Marçal Antunes

## **Agradecimentos**

Ao Professor João Nestor Silva por ter aceitado orientar esta dissertação de mestrado. Por toda a disponibilidade, simpatia e paciência que sempre teve comigo.

Ao Dr. João Diogo Ferreira pela oportunidade de estagiar na AgriAngus e por tudo o que me ensinou. Pela sua forma exemplar e profissional de trabalhar e, por todos os bons momentos vividos durante o estágio. À Jéssica pela amizade e por me ter acompanhado nesta experiência.

Ao Professor Luís Telo da Gama pelo importantíssimo auxílio no tratamento estatístico dos dados, pela sua disponibilidade, apoio e paciência. Ao Professor Telmo Nunes pelos seus ensinamentos de programação e análise de dados, que me auxiliaram na realização desta dissertação.

A esta Faculdade e aos seus Professores que tanto me ensinaram e inspiraram em todo o percurso. Grata pela oportunidade de realizar Erasmus e por tudo o que me aportou essa experiência. À Laura e à Julieta pela amizade e apoio, por me acompanharem desde o primeiro dia. À Kika, Matilde, Cata e Francisca por todos os momentos e gargalhadas.

Aos meus pais pelo carinho e apoio durante todo este percurso, por todos os valores que me inculcaram. Aos meus avós pela motivação transmitida, por estarem sempre presentes. Às minhas irmãs, que tanto me desesperam, mas que me compreendem, apoiam e alegram todos os dias. À Guiomar, Madalena e Guadalupe por me distraírem nas épocas de exames, por serem companheiras de tudo.

## Resumo

A seleção genética é uma ferramenta fundamental na otimização da eficiência biológica e económica numa exploração de bovinos reprodutores, e desta forma, obter descendência com melhores performances produtivas e reprodutivas. A raça Aberdeen-Angus tem vindo a apresentar uma crescente importância em Portugal, representando, atualmente, a segunda raça exótica com maior expressão no país.

Com este trabalho pretendeu-se analisar os efeitos e evolução da seleção de algumas características de performance, dos animais nascidos na exploração AgriAngus. Para este efeito, utilizaram-se as estimativas de mérito genético calculadas pelo *Breedplan* para os animais da exploração e, por outro lado, realizou-se uma análise intra-exploração calculando-se os parâmetros genéticos e a tendência genética ao longo do tempo, apenas para as características de peso ao nascimento, aos 200 dias, aos 400 dias e para o perímetro escrotal. A análise intra-exploração foi efetuada através do BLUP – Modelo Animal. Foram analisados dados de 481 animais inscritos na plataforma do *Breedplan* e, para a análise intra-exploração dados fenotípicos de 665 animais, compondo uma matriz de parentesco de 1686 animais.

Os parâmetros genéticos estimados encontram-se, no geral, de acordo com o reportado na literatura citada.

As tendências genéticas foram mais otimistas na estimativa realizada pelo *Breedplan*, porém, na maioria das características analisadas verificou-se uma melhoria nos valores do mérito genético dos animais, confirmando a evolução positiva, consequência do melhoramento genético através da seleção, em prática na exploração.

Palavras-chave: BLUP, Aberdeen-Angus, parâmetros genéticos, tendência genética, *Breedplan*.

## Abstract

Genetic selection is a fundamental tool in the optimization of biological and economic efficiency in a beef breeding farm and, in this way, obtaining offspring with better productive and reproductive performances. The Aberdeen-Angus breed has been showing increasing importance in Portugal, currently representing the second exotic breed with greater expression in the country.

With this work it was intended to analyse the effects and evolution of the selection of some performance traits, of the animals born in the AgriAngus farm. For this purpose, breeding value estimates estimated by *Breedplan* were used and, on the other hand, an in-farm analysis was carried out, calculating the genetic parameters and the genetic trend over the years, considering, exclusively, for birth weight, 200 days weight, 400 days weight and for scrotal perimeter. The in-farm analysis was carried out using the BLUP - Animal Model. Data, 481 animals registered on the *Breedplan* platform were analysed and, for the in-farm analysis, a dataset of phenotypic trait records from 665 animals. The complete pedigree file included 1686 animals.

The estimated genetic parameters are, in general, in accordance with what was reported in the cited literature.

The genetic trends were more optimistic in the estimate made by *Breedplan*, however, in all the analysed characteristics there was an improvement in the values of the animal's breeding values, confirming the positive evolution, a consequence of the genetic improvement through selection, carried out in this herd.

Key words: BLUP, Aberdeen-Angus, genetic parameters, genetic trend, *Breedplan*.

## Índice

<b>Agradecimentos .....</b>	<b>iii</b>
<b>Resumo .....</b>	<b>iv</b>
<b>Abstract .....</b>	<b>v</b>
<b>Índice de Figuras .....</b>	<b>viii</b>
<b>Índice de Tabelas .....</b>	<b>x</b>
<b>Lista de abreviaturas.....</b>	<b>xi</b>
I. Relatório das Atividades Curriculares.....	1
II. Revisão Bibliográfica .....	2
1. Produção de carne na Europa e no Mundo .....	2
2. Origem da raça bovina Aberdeen-Angus.....	4
2.1. Características Gerais.....	4
2.2. A origem da raça na Escócia .....	5
2.3. Expansão da raça no mundo .....	7
2.4. A raça Aberdeen-Angus em Portugal.....	9
3. Melhoramento Genético Animal .....	10
3.1. Melhoramento Animal através da Seleção .....	12
3.1.1. O Valor Genético .....	12
3.1.2. BLUP – “Modelo Animal”.....	15
3.2. Resposta à Seleção.....	18
3.3. O Programa <i>Breedplan</i> .....	19
3.3.1. Estimated Breeding Values disponíveis em Portugal .....	22
3.3.1.1. EBVs de Fertilidade .....	22
3.3.1.2. EBVs relativos ao crescimento.....	24
3.3.1.3. EBVs relativos à carcaça .....	25
3.3.2. EBVs de eficiência alimentar .....	27
3.3.3. EBVs genómicos .....	27
4. O melhoramento genético na raça Aberdeen-Angus .....	29
III. Trabalho Experimental.....	30



1. Objetivos .....	30
2. Material e Métodos.....	31
2.1. Material .....	31
2.1.1. Amostra e tratamento dos dados .....	31
2.2. Métodos .....	35
2.2.1. Análise intra-exploração.....	36
2.2.1.1. Análise do peso nas diferentes fases do crescimento .....	37
2.2.1.2. Análise do perímetro escrotal.....	38
3. Resultados .....	38
3.1. Análise dos valores estimados pelo <i>Breedplan</i> .....	38
3.1.1. Características de Fertilidade .....	39
3.1.2. Características de Peso .....	40
3.1.3. Características de Carcaça.....	43
3.2. Análise intra-exploração.....	45
3.2.1. Parâmetros Genéticos e de Consanguinidade .....	45
3.2.2. Efeitos Fixos .....	47
3.2.3. Valores de mérito genético estimados .....	50
3.2.3.1. Perímetro Escrotal .....	50
3.2.3.2. Peso ao nascimento .....	52
3.2.3.3. Peso aos 200 dias .....	54
3.2.3.4. Peso aos 400 dias .....	57
4. Discussão .....	60
IV. Conclusões Gerais .....	67
V. Referências Bibliográficas .....	68

## Índice de Figuras

Figura 1. Evolução da produção de carne de bovino e bovinos abatidos no mundo (dados da FAO 2020). .....	2
Figura 2. Principais produtores de carne bovina no ano de 2020 (dados da FAO 2020). .....	3
Figura 3. Evolução da produção de carne de bovino e bovinos abatidos na Europa (dados da FAO 2020). .....	3
Figura 4. Exemplar de animal da raça Aberdeen-Angus, inscrito na Associação inglesa (Angus Cattle Society). .....	4
Figura 5. Gravura da famosa exploração Ballindalloch e dos seus animais. ....	6
Figura 6. Valores de heritabilidade utilizados para o cálculo dos valores de mérito genético (Retirado da Associação Americana - American Angus Association). .....	22
Figura 7. Distribuição das características de peso ao nascimento, aos 200, 400 e 600 dias. ....	35
Figura 8. Regressão das características de fertilidade no ano de nascimento. ....	39
Figura 9. Regressão das características de peso no ano de nascimento. ....	41
Figura 10. Regressão das características de crescimento no ano de nascimento. ....	42
Figura 11. Regressão das características da carcaça no ano de nascimento. ....	43
Figura 12. Regressão do valor de mérito genético de gordura intramuscular no ano de nascimento. ....	44
Figura 13. Efeito ambiental do ano de nascimento no peso ao nascimento e no peso aos 200 dias. ....	47
Figura 14. Efeito ambiental do ano de nascimento no peso aos 400 dias e no perímetro escrotal. ....	47
Figura 15. Efeito ambiental do mês de nascimento no peso ao nascimento e aos 200 dias. ....	48
Figura 16. Efeito do mês de nascimento no peso aos 400 dias. ....	48
Figura 17. Efeito ambiental do sexo no peso ao nascimento, aos 200 e aos 400 dias .....	49
Figura 18. Efeito ambiental quadrático da idade da mãe no peso ao nascimento, aos 200 e aos 400 dias. ....	49
Figura 19. Distribuição dos valores de mérito genético direto estimados para o perímetro escrotal. ....	51
Figura 20. Evolução ao longo do tempo dos valores de mérito genético direto estimados para o perímetro escrotal. ....	51
Figura 21. Regressão dos valores de mérito genético direto estimados para o perímetro escrotal no ano de nascimento. ....	52
Figura 22. Dispersão dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso ao nascimento. ....	52

Figura 23. Distribuição dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso ao nascimento.....	53
Figura 24. Variação ao longo do tempo dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso ao nascimento. ....	53
Figura 25. Regressão dos valores de mérito genético estimados para o peso ao nascimento ao longo dos anos. ....	54
Figura 26. Dispersão dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 200 dias.....	54
Figura 27. Distribuição dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 200 dias.....	55
Figura 28. Variação ao longo do tempo dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 200 dias. ....	55
Figura 29. Regressão dos valores de mérito genético direto e materno estimados para os 200 dias no ano de nascimento.....	56
Figura 30. Dispersão dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 400 dias.....	57
Figura 31. Distribuição dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 400 dias.....	57
Figura 32. Variação ao longo do tempo dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 400 dias. ....	58
Figura 33. Regressão dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 400 dias no ano de nascimento. ....	58

## Índice de Tabelas

Tabela 1. Análise estatística descritiva dos dados obtidos do <i>Breedplan</i> . ....	31
Tabela 2. Número de observações por ano de nascimento para cada uma das características analisadas. ....	32
Tabela 3. Frequência absoluta de animais analisados por mês de nascimento. ....	33
Tabela 4. Frequência absoluta de animais analisados por ano de nascimento. ....	33
Tabela 5. Frequência absoluta de animais analisados por sexo. ....	34
Tabela 6. Frequência absoluta de animais analisados por tipo de pelagem. ....	34
Tabela 7. Descrição estatística dos dados fenotípicos das características analisadas. ....	34
Tabela 8. Regressão do valor genético no ano de nascimento para as características de fertilidade. ....	39
Tabela 9. Regressão do valor genético no ano de nascimento para as características de peso. ....	40
Tabela 10. Regressão do valor genético no ano de nascimento para as características de crescimento. ....	42
Tabela 11. Regressão do valor genético no ano de nascimento para as características da carcaça. ....	43
Tabela 12. Regressão do valor genético da gordura intramuscular no ano de nascimento. ....	44
Tabela 13. Valores estimados da variância fenotípica ( $\sigma^2_p$ ), da variância dos efeitos genéticos diretos ( $\sigma^2_a$ ), dos efeitos genéticos maternos ( $\sigma^2_m$ ), da correlação entre os efeitos genéticos diretos e maternos ( $\sigma_{am}$ ), do efeito ambiental permanente da vaca ( $c^2$ ), do efeito residual ( $\sigma^2_e$ ), a heritabilidade direta ( $h^2_a$ ), a heritabilidade materna ( $h^2_m$ ) e a correlação entre a heritabilidade direta e materna ( $r_{am}$ ). ....	46
Tabela 14. Análise de regressão dos valores de mérito genético direto estimados no ano de nascimento. ....	52
Tabela 15. Análise de regressão dos valores de mérito genético diretos e maternos do peso ao nascimento estimados por ano de nascimento. ....	53
Tabela 16. Análise de regressão dos valores de mérito genético diretos e maternos do peso aos 200 dias estimados por ano de nascimento. ....	56
Tabela 17. Análise de regressão dos valores de mérito genético diretos e maternos de peso aos 400 dias estimados no ano de nascimento ....	58

## **Lista de abreviaturas**

BSE – Encefalopatia Espongiforme Bovina

EPDs – Expected Progeny Difference

FAA – Federação Agrícola dos Açores

IA – Inseminação Artificial

EBVs – Estimated Breeding Values

BLUP – Best Linear Unbiased Prediction

DGAV – Direção Geral de Alimentação e Veterinária

AGBU – Animal Genetics and Breeding Unit

ABRI – Agriculture Business Research Institute

GC – Grupos Contemporâneos

SOR – Sucessive Over-Relaxation

RFI – Consumo alimentar residual

TE – Transferência de Embriões

QLT – Quantitative Trait Locus

SNP – Single Nucleotide Polymorphism

MVP – Molecular Value Predictions

FCE – Eficiência de conversão alimentar

PN – Peso ao nascimento

P200 – Peso aos 200 dias

P400 – Peso aos 400 dias

PE – Perímetro Escrotal

REML – Máxima Verossimilhança Restrita

## **I. Relatório das Atividades Curriculares**

No âmbito da conclusão do Mestrado Integrado em Medicina Veterinária pela Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade de Lisboa, realizei o meu estágio curricular na empresa Agriangus Portugal, tendo decorrido entre 1 de dezembro de 2019 e 1 de março de 2020, sob orientação do Prof. João Nestor Chagas e coorientação do Dr. João Diogo Ferreira. O estágio permitiu-me adquirir prática na área da reprodução em bovinos. As principais atividades realizadas neste âmbito foram:

- Exames andrológicos, onde pude fazer recolha de sémen por electroejaculação e medições de perímetro testicular
- Realização de protocolos de transferência de embriões
- Realização de exames ecográficos
- Protocolos de inseminação em tempo fixo, com sincronização de ovulações através da colocação de CIDR.
- Diagnósticos de gestação por palpação rectal e também por ecografia

Foi também possível acompanhar algumas atividades de saneamento, como a aplicação do plano vacinal nos vitelos, e realização de algumas recolhas de sangue. Para além disto foram acompanhadas situações clínicas, pouco frequentes na exploração, como correção de um prolapso uterino, um parto distócico, e resolução de alguns abscessos provocados pela vacinação.

Além das atividades realizadas no estágio curricular foram realizadas saídas de campo com o Prof. João Nestor Chagas, em que houve a oportunidade de realizar as seguintes atividades

- Exames andrológicos e recolhas de sémen tanto em pequenos ruminantes como em grandes;
- Protocolos de inseminação artificial;
- Recolha de embriões e congelamento dos mesmos;
- Exames de acompanhamento reprodutivo através de palpação retal.

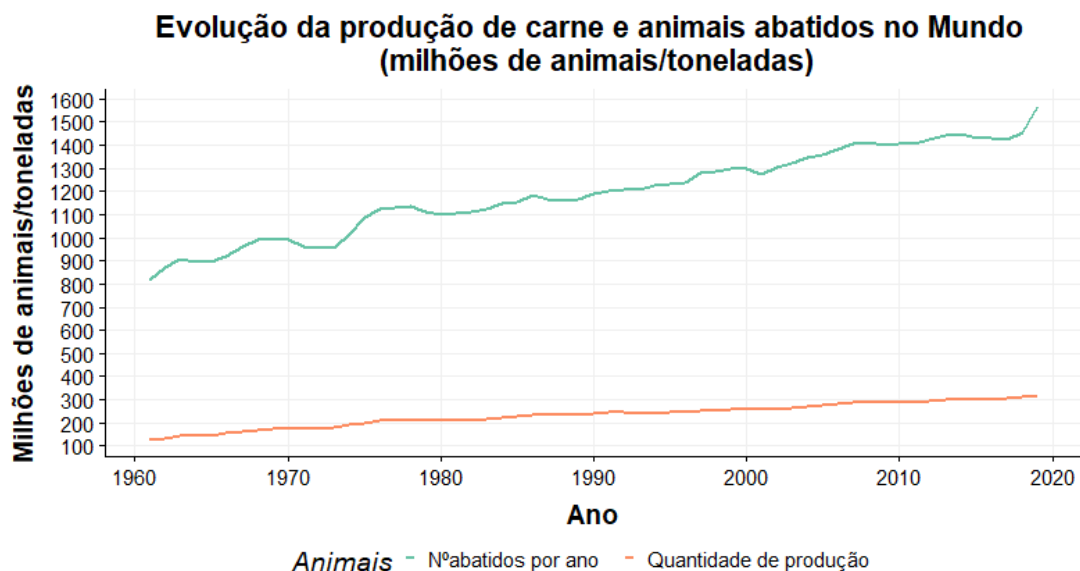
## II. Revisão Bibliográfica

### 1. Produção de carne na Europa e no Mundo

De todas as espécies que contribuem para a produção de carne, a espécie bovina ocupa o terceiro lugar, com uma produção acima de 72 milhões de toneladas no ano de 2019, antecedida pela produção de suínos, com um total de 110 milhões de toneladas no mesmo ano, e em primeiro lugar a produção de aves domésticas (131 milhões de toneladas)(Food and Agriculture Organisation 2020).

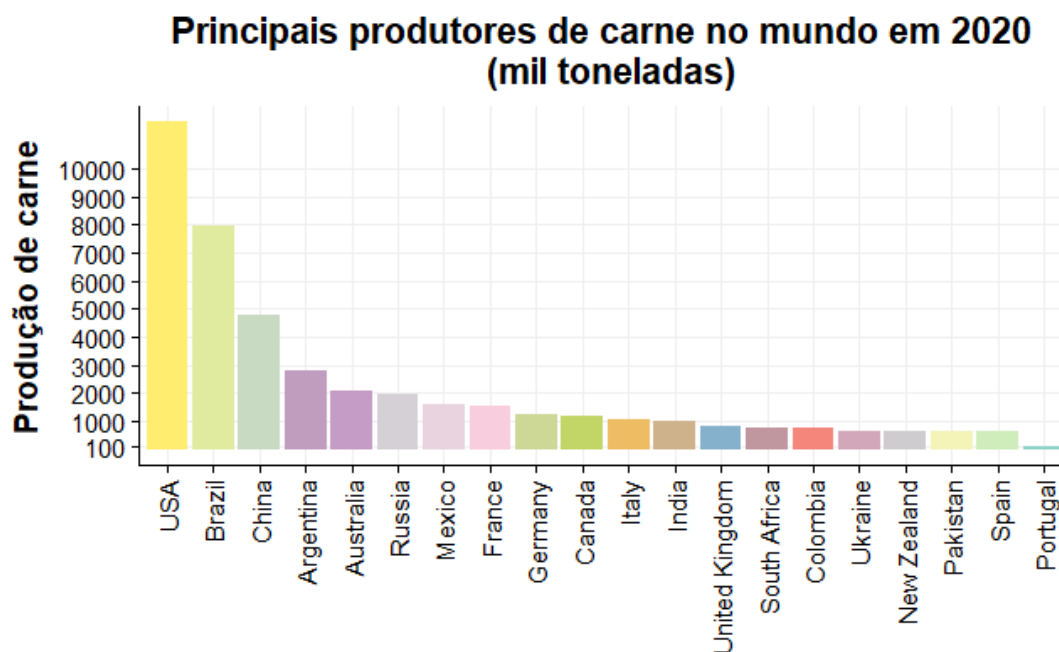
Na Figura 1, mostra-se a evolução anual da produção de carne de bovino no mundo, e o número de bovinos abatidos no mesmo período. É evidente o aumento da produção mundial de carne desde a década dos anos 60, atingindo-se no ano de 2019, 319 milhões de toneladas de carne produzida. Quanto à evolução dos animais abatidos em todo o mundo, é possível também verificar um aumento expressivo desde o ano de 1961 até ao momento atual. É de notar que entre os anos 1988 e 1989 existiu um aumento muito reduzido, que se pode dever ao abate de animais efetuado durante a crise da Encefalopatia Espongiforme Bovina (BSE), mas ainda assim, foi um aumento, ao contrário do que aconteceu na Europa (Figura 3). Em 2019 foram abatidos 1.568 milhões de animais no mundo.

**Figura 1. Evolução da produção de carne de bovino e bovinos abatidos no mundo (dados da FAO 2020).**



Dados: FAOSTAT 2020

Figura 2. Principais produtores de carne bovina no ano de 2020 (dados da FAO 2020).

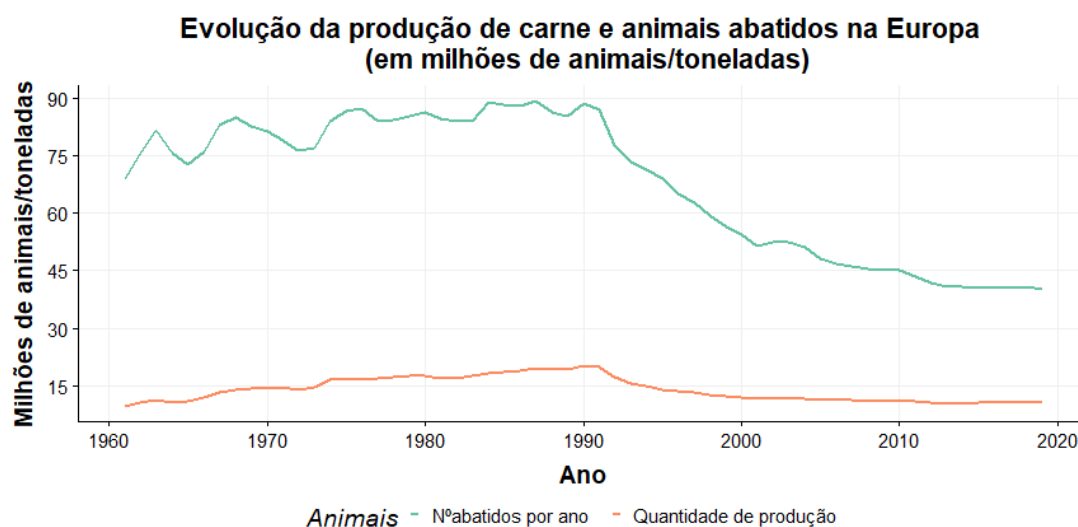


Dados: FAOSTAT 2020

Por outro lado, os três maiores produtores de carne de bovino no mundo no ano de 2020 foram os Estados Unidos da América, Brasil e a China, encontrando-se Portugal na 70ª posição, tendo produzido quase 100 mil toneladas de carne em 2019. A França mantém-se como o maior produtor de carne na Europa.

Ao contrário do que acontece na produção mundial de carne, o aumento da produção na Europa não apresenta a mesma expressão, como se verifica na Figura 3.

Figura 3. Evolução da produção de carne de bovino e bovinos abatidos na Europa (dados da FAO 2020).



Dados: FAOSTAT 2020



É evidente a diminuição da quantidade de carne de bovino produzida na Europa a partir do ano de 1990, tendo sido atingido um mínimo de 10,14 milhões de toneladas em 2013, registando-se a partir desse ano um ligeiro aumento da produção, até ao ano de 2019, quando se atingiram as 10,58 milhões de toneladas. O número de bovinos abatidos por ano também sofreu uma diminuição significativa a partir do ano de 1990, principalmente devido à crise da BSE, que se manteve acentuada até ao ano de 2001 e, a partir dessa altura os números continuaram a diminuir, mas não de forma tão acentuada. É importante notar que a redução do número de animais abatidos é bastante superior à redução da quantidade de carne produzida, o que pode dever-se à evolução e melhoramento das técnicas de produção e das raças utilizadas para o efeito, que tem vindo a registar-se nas últimas décadas, fazendo com que sejam necessários menos animais para produzir a mesma quantidade de carne.

## **2. Origem da raça bovina Aberdeen-Angus**

### **2.1. Características Gerais**

A raça Aberdeen-Angus é uma raça bovina de aptidão cárnica de médio porte. Tem como principal vantagem atingir a maturidade sexual precocemente, para além de ser um animal adaptado a diversas condições edafo-climáticas. É uma raça “mocha”, sendo este um gene dominante na sua descendência. A sua pelagem é preta, como se exemplifica na Figura 4, existe, porém, uma variedade vermelha. De uma forma geral, a raça apresenta um bom temperamento e é de fácil manejo. É muitas vezes utilizada em cruzamento industrial, principalmente nas primíparas, por contribuir com uma elevada facilidade de parto (Aberdeen-Angus Portugal 2019b; Aberdeen-Angus Portugal 2019c).



**Figura 4. Exemplar de animal da raça Aberdeen-Angus, inscrito na Associação inglesa (Angus Cattle Society).**

## 2.2. A origem da raça na Escócia

A raça Aberdeen-Angus teve a sua origem no Nordeste da Escócia, nos condados de Aberdeen, Banff, Kincardine e Angus. Estes condados têm pastagem densa devido à distribuição de precipitação ao longo de todo o ano. Aparentemente, animais “mochos”, ou sem cornos (“polled”), já existiam na Escócia previamente ao primeiro registo histórico, já que existem esculturas pré-históricas que se assemelham à raça Aberdeen-Angus (Briggs 1980).

Apesar de existir pouca informação sobre a origem de indivíduos da raça, posteriormente apelidada de Aberdeen-Angus, pensa-se que data do final do século XVIII, não havendo uma pelagem padrão. No entanto, a pelagem preferida era a preta, e foi realizada seleção nesse sentido, apesar da pelagem vermelha que resulta de um gene recessivo, ser atualmente aceite no padrão da raça. (Aberdeen-Angus Portugal 2019c).

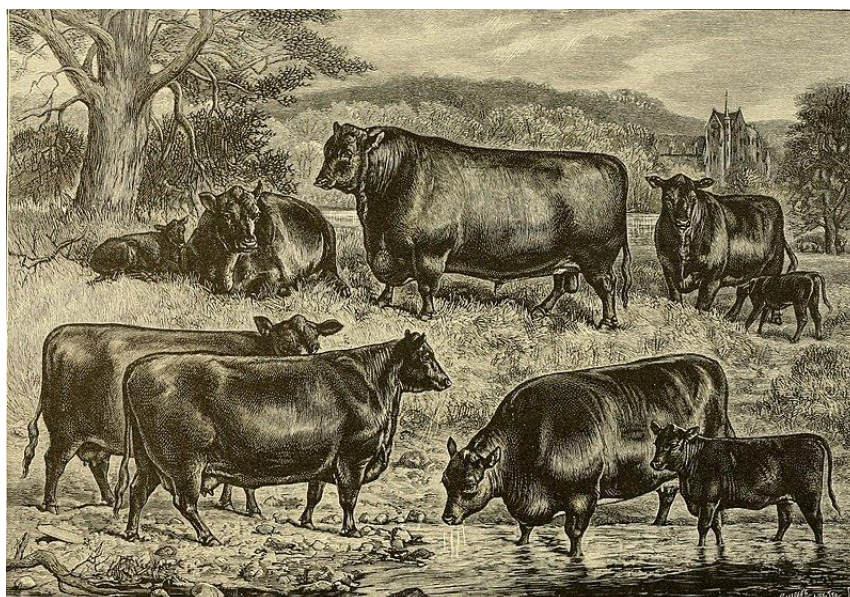
Na origem da raça estão envolvidas duas linhagens: uma proveniente do condado de Angus (conhecida como “Angus doodie”) e a outra, da área de Aberdeenshire (conhecida como “Buchan humlies”). Ambas eram utilizadas como animais de trabalho, mas a partir da segunda metade do século XVIII com o desenvolvimento das técnicas agrícolas, foi o cruzamento de ambas as linhagens, que deu origem à raça Aberdeen Angus.

No início do século XIX, a raça começa a ganhar importância graças a Hugh Watson, considerado o seu fundador. O então dono da exploração Keillor, iniciou o seu projecto de raça com seis das melhores fêmeas pretas e um touro. Os seus animais ganharam diversos prémios, e julga-se que, atualmente praticamente todos os animais da raça tenham origem num dos dois dos seus animais mais notáveis, o touro “Old Jock 126” e a vaca “Old Granny 125” (Briggs 1980).

O preservador e melhorador da raça foi William McCombie, que possuía uma elevada sensibilidade na previsão do cruzamento dos animais (Briggs 1980). Ficou conhecido por ter sido o fundador da linhagem de fêmeas “Queen” e do touro “Black Prince of Tillyfour 77” (Sanders 1887; Aberdeen-Angus Portugal 2019c).

Outra exploração famosa foi a Ballindalloch (Figura 5), que, pensa-se ter sido fundada por Sir John MacPherson-Grant, mas foi o seu filho, o responsável pelo início de um cruzamento sistemático. Esta exploração forneceu a maioria dos animais dos primeiros rebanhos nos Estados Unidos da América (Briggs 1980). O seu trabalho permitiu a construção de várias linhas maternas, como as “Erica”, que veio a contribuir para o estabelecimento de núcleos não só na Escócia, mas em muitos outros países. Ainda hoje a propriedade é pertença

da família Macpherson-Grant, o que faz com que a raça já venha a ser sujeita à seleção há cerca de 150 anos (Sanders 1887; Aberdeen-Angus Portugal 2019c).



**Figura 5. Gravura da famosa exploração Ballindalloch e dos seus animais.**

Por volta do ano de 1862 deu-se a criação do “Polled Herd Book” (Livro Genealógico), graças ao esforço de Edward Ravenscroft, que contou com o desacordo da maioria dos criadores da raça. No ano de 1879 foi criada a “Polled Cattle Society” (Sociedade de Criadores). Os principais objetivos desta sociedade baseavam-se em: 1) manter intacta a pureza da raça, que se passaria a chamar Aberdeen-Angus, e promover o cruzamento da mesma; 2) reunir, verificar, preservar e publicar os pedigrees da raça mencionada, bem como toda outra informação igualmente útil; 3) complementando o objetivo anterior, continuar com a atualização e publicação do Livro de Rebanho (MacDonald and Sinclair 1910).

Os bons resultados e outros sucessos alcançados, por exemplo, nos concursos de Smithfield, em Londres, reafirmaram os méritos da raça na produção de carne de qualidade e, proporcionando a sua internacionalização. No final do século XIX e início do século XX, a raça chega e desenvolve-se no Novo Mundo (América do Norte e do Sul, Austrália, Nova Zelândia e África do Sul). Embora existam registos da exportação de Aberdeen-Angus para a Europa continental, o seu número foi diminuto e com pouca aceitação em países onde se procurava animais de dupla ou mesmo tripla aptidão. Já na segunda metade do século XX houve uma mudança gradual, maior especialização nas práticas agrícolas, maior fluxo de pessoas a viajar e o facto de haver um número cada vez maior de consumidores exigentes. Assim, aumentou o interesse em raças especializadas na produção de carne e, portanto, na raça Aberdeen-Angus. Deste modo, ela é introduzida, em primeiro lugar, em países Escandinavos e, depois, na zona Norte e Este da Europa que, atualmente, continuam a

apostar na raça. Mais recentemente, o Sul da Europa tem vindo a demonstrar interesse nas qualidades raciais: na sua capacidade de adaptação às mais variadas localizações geográficas e sistemas de produção; ao fácil manejo e à possibilidade de criar um nicho de mercado com base na qualidade da sua carne (Anderson 2010).

### **2.3. Expansão da raça no mundo**

O grande impulso da raça a nível mundial dá-se com a sua exportação para os Estados Unidos da América em 1873. Em 1901, já se efetuavam mais registos de animais puros do que no Reino Unido, constituindo hoje, o maior efetivo a nível mundial (Aberdeen-Angus Portugal 2019c). Os primeiros animais foram importados por George Grant, em 1873, para o Kansas. Os animais importados foram cruzados com animais autóctones, surgindo vitelos pretos mochos, que revelaram melhores performances que os autóctones, demonstrando o valor genético da raça. George Grant acabou por falecer cinco anos mais tarde e os seus animais acabaram por retornar à exploração de origem, na Escócia (Briggs 1980). A American Angus Association que foi fundada em Chicago em 1883, com um número inicial de 60 membros, registou no primeiro ano 10 milhões de animais. Atualmente, a associação regista anualmente mais animais do que qualquer outra associação de bovinos de carne, no mundo (American Angus Association 2019). Neste país é comum o cruzamento desta raça com animais da raça Hereford, de forma a serem melhoradas algumas características da carcaça e proporcionar uma maior facilidade ao parto (Oklahoma State University 2021). Para além disto, a Associação realiza um programa de melhoramento animal, produzindo as estimativas de valor genético como Expected Progeny Differences (EPDs).

A expansão da raça também ocorreu no Canadá, chegando os primeiros animais a Montreal (Quebec), em 1860, importados a partir da Escócia (Canadian Angus Association, s/data). Em 1905, os criadores uniram-se para fundar a Canadian Angus Association, que mantém atualmente um Livro Genealógico fechado. A Associação canadiana representa 50% de todos os registos bovinos no Canadá, para além de que, mais do que 67% dos bovinos comercializados no país são desta raça (Canada Angus Association 2016). Os consumidores canadianos reconhecem a qualidade da carne da raça Angus, devendo-se a sua preferência ao seu sabor, à sua tenrura e ao marmoreado. Tendo em conta esta procura, a Canadian Angus Association criou recentemente a Canadian Angus Rancher Endorsed, como forma de promover programas relacionados com a carne Angus (Fee 2010).

Na Austrália a raça é de elevada importância, onde os primeiros animais registados chegaram a Hobart, Tasmânia, em 1824. Na sua maioria, os animais são criados em zonas de clima temperado (Sul) (Angus Society of Australia 2010). No entanto, a raça é utilizada para cruzamento com outras raças adaptadas a climas tropicais. Os animais Angus e os seus

cruzamentos possuem uma grande procura, o que se deve à qualidade que a carne apresenta, tanto daqueles acabados exclusivamente a pasto, como os de “feedlot” (Angus Society of Australia 2010). A Associação foi fundada em 1919, e é atualmente a maior no país (Angus Society of Australia 2010). Os animais são registados no programa de registo de performances, criado neste país, o *Breedplan*.

A Argentina também influenciou a expansão desta raça, com a fundação da sua Associação no ano de 1920 e, atualmente, conta com mais de 900 sócios-criadores, e 1018 explorações registadas (Asociación Argentina de Angus 2010; Guerrico et al. 2019) e, sabe-se que, mais de 40% dos registos anuais para pedigree são da raça Angus (Asociación Argentina de Angus 2010). Em 1994 é implementado o programa Argentine Certified Angus, que em 1999 é aprovado pelo USDA (United States Department of Agriculture), e mais recentemente, pela União Europeia (Guerrico et al. 2019). O programa ERA (Avaliação de Reprodutores Angus), implementado no país, serviu para consolidar a produção argentina de carne de qualidade. Este programa surgiu em 1989 e concentra-se na avaliação genética da população nacional de bovinos Angus, na publicação dos resultados obtidos, e a partir de 2012, com a constituição de uma população de referência, sujeita a análises de ADN (genotipagem) (Arriazu 2019). Através deste programa são produzidos dados em forma de EPDs para características relacionadas com a eficiência reprodutiva, crescimento, rendimento e qualidade da carne. Mais recentemente foi incorporada a avaliação genómica associada aos EPDs (Arriazu 2019).

A produção de animais Angus no Uruguai começou no ano de 1888 quando D. Luis Mongrell importou o touro “Bard Naughton” de Inglaterra, sucedendo-se outras importações de animais dos Estados Unidos, Argentina e Inglaterra (Sociedad de Criadores de Aberdeen-Angus de Uruguay 2010). A Sociedad de Criadores de Aberdeen-Angus foi criada no ano de 1938, o que permitiu que no início deste século a Associação contasse com 450 criadores no país e, em 1995, a Associação cria a tatuagem de puro de origem “Selección Aberdeen-Angus” (Sociedad de Criadores de Aberdeen-Angus de Uruguay 2010). Esta Associação tem a preocupação de acompanhar os avanços na tecnologia de avaliação genética, realizando provas de performance desde 1973, estabelecendo, mais tarde, um protocolo com a Faculdade de Agronomia – Departamento de Zootecnia e com o INIA (Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuárias) para dar continuidade ao Serviço de Avaliação dos Reprodutores (SER) (Sociedad de Criadores de Aberdeen-Angus de Uruguay 2010). Em 1999, em conjunto com as Sociedades de Criadores da Argentina, Brasil, Paraguai e Chile é fundada a Federación Angus del Mercosur y Chile (Sociedad de Criadores de Aberdeen-Angus de Uruguay 2010).

Na Europa, a Alemanha e a Dinamarca destacam-se na produção de animais desta raça. Em 1955, é fundada a Associação alemã e inicia-se a exploração sistemática da raça, com base no padrão da Grã-Bretanha (Bundesverband Deutscher Angushalter e.V. 2010). Os primeiros animais são importados em 1956, da Escócia. Porém, nos anos 60, com a importação de outras raças como a Charolesa e a Limousine, com maior potencial de crescimento, perde progressivamente a sua relevância (Bundesverband Deutscher Angushalter e.V. 2010). Atualmente, a população Angus ocupa o 4º lugar de raças produzidas no país. Neste país é utilizado um sistema independente de avaliação de mérito genético (BLUP), no qual os animais são sujeitos, entre outras análises de performance, a testes genéticos para a tenrura e marmoreado (Bundesverband Deutscher Angushalter e.V. 2010). Na Dinamarca, a Associação foi fundada na década de 70, tendo cerca de 175 membros e 6.000 animais puros registados (Danish Angus Association 2010). Os machos são avaliados na Estação Nacional de Testagem, quanto às características de crescimento, qualidade da carcaça e eficiência alimentar (Danish Angus Association 2010).

#### **2.4. A raça Aberdeen-Angus em Portugal**

Existem registos datados de 1800, da vinda de animais Aberdeen-Angus para Portugal, em conjunto com outras raças britânicas, de leite e de carne. Porém, sem qualquer intenção de melhoramento genético, como o que existe atualmente (Machado 2016a).

O interesse na criação, na seleção e na difusão da raça foram os motivos pelos quais, em 2005, um grupo de criadores incitasse a Federação Agrícola dos Açores (FAA) a iniciar um trabalho de recolha de informação para se avaliar a possível criação de um Livro Genealógico da raça, já que se tinha importado esse tipo de bovinos da Alemanha com esse objetivo. Em junho de 2007 dá-se a formalização do mesmo e estabelece-se um protocolo com o Governo dos Açores para a implementação da raça e do Livro Genealógico. No mesmo ano, a FAA organiza uma viagem à Irlanda, durante a qual são selecionados 57 animais. Em 2008 registam-se os animais importados e, é igualmente feito, o registo do primeiro animal nascido em Portugal. A 16 de março de 2009 é fundada a Associação Aberdeen-Angus Portugal, marcando uma nova etapa na promoção, seleção e melhoramento da raça no país. É realizada uma nova importação de animais de Inglaterra e da Escócia.

A crescente procura de animais da variedade vermelha e a introdução de novas linhas genéticas, leva a Associação a visitar a Dinamarca para selecionar outros animais. Os contatos então estabelecidos, ainda hoje se mantêm e contribuem para aumentar e diversificar o “pool” genético no país, com uma adaptação e melhoramento extraordinários.

A Associação criou em 2011 a rotulagem facultativa ABERDEEN-ANGUS PORTUGAL – carne controlada. A parceria e confiança do Grupo Jerónimo Martins veio alavancar a sua

utilização, como consequência, um maior interesse na sua criação e seleção, existindo cada vez mais, uma maior procura de machos reprodutores para vacadas comerciais, mais toiros aprovados para uso em inseminação artificial (IA) e, com isso, um incremento de animais a serem registados no Livro Genealógico. Em 2018, foram lançadas as marcas “Premium” (animais 100% Aberdeen-Angus) e “Plus”, que pretendem igualmente valorizar a qualidade da carne com incentivo à produção de novilhas e de machos castrados, com níveis mais elevados de gordura intramuscular (Costa 2018).

A Associação Aberdeen-Angus Portugal implementou recentemente, um programa de avaliação genética - o *Breedplan*, desenvolvido pela ABRI - Agricultural Business Research Institute na Austrália. A implementação deste programa é um marco histórico para a Associação, dado ser a única em Portugal a utilizar este sistema internacional e, a segunda na Europa. Este sistema tem como objetivo a publicação de avaliações mensais, e é uma ferramenta essencial na seleção, melhoramento e promoção da genética Angus em Portugal. Após 10 anos de trabalho, existem condições para se ter uma base de dados própria que possibilite uma avaliação conjunta com o Reino Unido, com o fim de se calcularem com precisão Estimated Breeding Values (EBVs) do mérito genético dos animais em avaliação (Costa 2018).

Em Portugal, de acordo com os dados de 2015, as raças exóticas puras representam apenas 2% dos bovinos existentes. A raça exótica com maior representação em Portugal é a Limousine, seguindo-se a Charolesa e em terceiro lugar, a Aberdeen-Angus (Machado 2016b). Atualmente, a raça Aberdeen-Angus é a segunda raça exótica com maior representação em Portugal (Associação Aberdeen Angus Portugal).

### **3. Melhoramento Genético Animal**

A ideia de melhoramento económico e eficiência através do melhoramento produtivo das espécies animais já existe pelo menos desde o século XVIII, utilizando-se a seleção e o cruzamento como forma de realçar a sua performance. O conhecimento do mérito genético dos touros em diferentes países ou regiões contribui para aumentar o progresso genético da população animal e, ajustar os preços de mercado (Espasandin et al. 2011)

A eficiência biológica e a eficiência económica estão relacionadas, mas não são a mesma coisa, isto é, os animais de médio porte são normalmente mais eficientes biologicamente e, os animais de maior porte são mais eficientes economicamente, não só por produzirem vitelos maiores, e assim obter-se mais rendimento, como também pelo seu próprio peso de abate ser maior (Matos 2010; Carolino 2017). Um exemplo disso é a seleção que existe para o aumento do peso do vitelo ao nascimento, que irá afetar o peso vivo das vacas adultas no futuro, e assim aumentar os requisitos da exploração, aumentando os custos de

alimentação associados (Boon and Signet Breeding Services 2015). Para além disso, o máximo lucro é quase sempre obtido antes de se atingir a máxima eficiência biológica (Matos 2010). Sabe-se também, que fêmeas pesadas nem sempre produzem vitelos mais pesados, dado que isso depende, não só, da genética transmitida à descendência, como de diversos fatores ambientais (Boon and Signet Breeding Services 2015).

Um programa de melhoramento genético tem como objetivo proporcionar o aumento do rendimento dos criadores, sendo necessário avaliar previamente qual a melhor forma de obter o progresso genético, selecionando-se as características que mais contribuem para o benefício económico das explorações (Carolino 2017). O principal desafio da produção de carne é maximizar a mesma a partir de recursos alimentares que são, normalmente, limitados e variáveis. Sabendo que, o principal *output* da produção de carne é o peso desmamado por vaca, devem ser combinadas as características maternas (taxa de conceção, duração da gestação, facilidade ao parto, produção de leite) e do vitelo (crescimento nas várias fases, e a influência que tem na duração da gestação e na facilidade ao parto) para que exista a maximização do peso ao desmame (Pitchford 2014).

Uma das estratégias de melhoramento da população baseia-se na seleção de fêmeas de reposição, e para tal, é necessário ter em consideração que nem todos os animais estão geneticamente adaptados ao seu ambiente, o que tem mostrado ser uma dificuldade em diversos países. Deve ser elaborado um plano para criar fêmeas de reposição, ou na própria exploração, ou adquiridas no exterior, para que elas possam atingir o máximo das suas capacidades (Boon and Signet Breeding Services 2015). Também a seleção do touro é uma decisão que não deve ser menosprezada dada a sua contribuição decisiva na produção e, assim, o seu mérito genético poderá ser mais correto e preciso. A sua seleção irá, em primeiro lugar, influenciar a geração de abate, depois influenciará o rebanho e, só passados alguns anos, influenciará as características maternas da população (Boon and Signet Breeding Services 2015).

A seleção é, também, uma forma de melhorar a eficiência reprodutiva. Esta eficiência é um parâmetro difícil de medir, uma vez que é influenciado por muitas características de baixa heritabilidade e, portanto, a melhor forma de o fazer é através da seleção de touros. Devem então ser selecionados os animais com valores de mérito genético estimado que vaticinem um rápido crescimento da descendência e, então utilizados em vacas que tenham baixos pesos vivos, e por isso, baixas necessidades. Por outro lado, devem ser selecionadas vacas com mérito genético para as características reprodutivas, a longevidade e a produção de leite, e touros com mérito genético para as características como a facilidade de parto, as taxas de crescimento e a qualidade da carcaça (Boon and Signet Breeding Services 2015).



### **3.1. Melhoramento Animal através da Seleção**

A seleção define-se como o processo pelo qual alguns indivíduos produzem mais descendentes que outros. Consiste, portanto, na escolha de futuros reprodutores, tanto machos como fêmeas, e, através da dela, selecionar os indivíduos que melhor servem os objetivos dos criadores. Pretende-se, assim, aumentar a frequência dos genes favoráveis à expressão das características de interesse ou diminuir a dos indesejáveis (Gama 2002). A maior dificuldade deste processo reside em que apenas se dispõe da informação fenotípica sobre o próprio indivíduo ou sobre os seus familiares, mas a informação sobre os genes e a forma como eles condicionam a expressão das características é limitada (Carolino 2017).

A seleção individual é a metodologia mais simples em utilização e, através dela, os animais são selecionados tendo como base as suas performances, revelando resultados satisfatórios quando são selecionadas características com elevada heritabilidade. Porém, quando se pretendem selecionar características apenas avaliadas num dos sexos (produção de leite), avaliadas tardiamente (longevidade produtiva) ou, após a morte do animal (características da carcaça), há claramente vantagem no recurso à seleção familiar, que utiliza por base a informação fenotípica de indivíduos com distintas relações de parentesco entre si (Carolino 2017). Ao aumentar a quantidade de informação familiar disponível e da relação de parentesco dos indivíduos, é possível aumentar a precisão dessa seleção. A seleção pelas características qualitativas é mais simples, visto serem controladas por um número reduzido de genes, e terem relativamente pouca influência ambiental. No entanto, a seleção de características quantitativas, mais incisivas na performance económica, é mais complicada, dado serem controladas por um elevado número de genes e por haver efeitos ambientais acentuados na expressão do fenótipo. A seleção é, então, realizada indiretamente, a partir da análise da variação entre os indivíduos (Rosa et al. 2013).

#### **3.1.1. O Valor Genético**

Os animais reprodutores apenas podem transmitir à sua descendência metade dos seus genes, daí que interesse ao produtor conhecer o valor genético de um dado animal. Este valor representa o que um animal pode transmitir à descendência para determinada característica e corresponde à soma dos efeitos de cada um dos genes que afetam essa mesma característica (Carolino 2017).

Ao não existir uma informação específica sobre os genes que os candidatos à seleção possuem, mas apenas a informação fenotípica sobre o indivíduo ou os seus parentes, admitimos que o fenótipo (P) resulta do genótipo do indivíduo (G) e das influências ambientais (E) a que o mesmo está sujeito (Gama 2002):

$$P = G + E$$

Dentro destas influências ambientais, convirá distinguir entre as que são de natureza sistemática (estábulo, ano, idade) e as que são de natureza intangível e não sistemática (a variabilidade entre gémeos monozigóticos submetidos às mesmas condições ambientais). As influências ambientais sistemáticas podem ser levadas em conta com o recurso a métodos estatísticos adequados (utilização de fatores de correção ou de inclusão no modelo de análise), removendo-se uma boa parte da variabilidade ambiental. Com base na expressão apresentada, o fenótipo de um indivíduo funciona como um indicador do seu valor genotípico, e a precisão daquele indicador depende da importância de E (Gama 2002).

O valor genético de um animal pode ser calculado como o dobro do desvio dos seus descendentes, quando existem em número elevado, relativamente à média da população e, quando animais de cada genótipo são acasalados com uma amostra aleatória da população. Verificamos, então, que existe para todos os genótipos uma diferença entre o valor genotípico e o valor genético, a que se dá o nome de desvio de dominância (D). O valor genético dos diferentes genótipos varia com o tipo de ação génica e com as frequências génicas da população (a ação pode ser aditiva, em que o valor génico é igual ao valor genotípico, e não aditiva, em que o valor génico depende das frequências génicas, isto é, da média da população). A decomposição do valor genotípico em valor génico (A) e desvio de dominância (D) permite-nos re-expressar o valor fenotípico:

$$P_{ij} = \mu + A_i + D_i + E_{ij}$$

A dificuldade na estimativa do valor genotípico reside em diferenciar o efeito genético aditivo com os efeitos genéticos não aditivos e ambientais. No entanto, se para a análise se recorre também à genealogia do animal, verifica-se que o valor genotípico apresenta associações com outras observações, associações essas que são descritas como relações de parentesco (Rosa et al. 2013).

O valor genético ou *breeding value* pode então ser definido como o valor do indivíduo num programa de seleção ou a soma de cada um dos efeitos de cada um dos alelos afetando o carácter de interesse num dado animal e, depende da população em que a comparação é feita. O valor genético real de um animal nunca chega a ser conhecido, mas poderá ser estimado com maior ou menor precisão, consoante a informação disponível. Como a seleção visa normalmente o aumento do valor médio da descendência, deverá então basear-se na estimativa do valor genético, e na subsequente escolha de indivíduos que possuam valores genéticos mais elevados (Gama 2002), sabendo que o valor de mérito genético deve ser comparado com o de outros animais disponíveis para a seleção, e não avaliado pelo seu valor positivo ou negativo (Rosa et al. 2013). A forma mais eficaz de se calcular o valor genético de

um animal é através do método Best Linear Unbiased Prediction (BLUP), utilizando-se o método da máxima verossimilhança para estimativa dos parâmetros genéticos.

Para proceder à avaliação genética é necessário estimar determinados parâmetros genéticos, que são funções dos componentes da variância. Assim, assume-se o modelo infinitesimal de Fisher, segundo o qual cada característica é o resultado da ação de um número infinito de loci, seguindo uma distribuição normal. Os parâmetros genéticos mais importantes são a variância, a covariância e a heritabilidade. A metodologia para o seu cálculo assenta no conhecimento das covariâncias de indivíduos aparentados. A ideia base é estimar componentes de variância com base em registos fenotípicos obtidos a partir de indivíduos com uma determinada estrutura familiar. O objetivo central é estimar, com maior precisão possível, a variância genética aditiva (Gama et al. 2004).

A variância ( $\sigma^2$ ) permite medir a variabilidade da característica na população em estudo. Para uma seleção eficaz é necessária a existência de variabilidade genética e a eficiência da seleção é tanto maior, quanto maior for a variância genética (Gama 2002). E determina-se pela seguinte expressão:

$$\sigma_A^2 = h^2 * \sigma_P^2$$

em que:

$\sigma_A$  – Variância genética;

$h$  – Heritabilidade;

$\sigma_P$  – variância fenotípica;

A covariância mede a tendência de duas variáveis variarem conjuntamente e o seu valor depende da variabilidade das variáveis em causa (Gama 2002). A covariância entre parentes representa uma determinada proporção de variância fenotípica, que varia de acordo com o tipo de parentesco que estiver a ser considerado na população (Falconer and Mackay 1996), e pode ser calculada através da seguinte fórmula:

$$Cov(A_x A_y) = r_G \sigma_{A_x} \sigma_{A_y}$$

em que:

$Cov(x, y)$  – Covariância genética entre  $x$  e  $y$ ;

$\sigma_{A_x}$  – Variância genética do indivíduo  $x$ ;

$\sigma_{A_y}$  – Variância genética do indivíduo  $y$ ;

A heritabilidade ( $h^2$ ) é a proporção da variância fenotípica ( $\sigma_p^2$ ) que é de natureza genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ) e varia entre valores de 0 a 1, ou em percentagem (Gama 2002). Determina-se pela expressão:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$$

em que:

$h^2$  – Heritabilidade;

$\sigma_a^2$  – Variância genética aditiva;

$\sigma_p^2$  – Variância fenotípica.

No caso de pretendermos avaliar uma característica com múltiplos registos, teremos de acrescentar uma variável ao modelo anterior, o efeito ambiental permanente ( $P_e$ ), a parte da variação entre indivíduos que afetam todos os registos obtidos durante a vida produtiva do animal (Gama et al. 2004):

$$P = G + P_e + E$$

Os fatores ambientais são considerados nas avaliações genéticas, através de comparações entre grupos, fatores de correção e ajustes para a idade padrão, pelo que, o conhecimento do efeito de cada fator ambiental sobre as características avaliadas é necessário para o correto ajustamento dos dados, para se aumentar a precisão dos programas de seleção (Corrêa et al. 2007). É necessário, então, que os animais sejam entendidos como organismos vivos inseridos num sistema de produção, competindo aos gestores desses sistemas, intervir da melhor forma possível otimizando a relação animal vs. ambiente (Rosa et al. 2013).

Em certas características é necessário utilizar um modelo de análise que inclua os efeitos maternos. Estes, por definição, representam a influência ambiental materna do genótipo da mãe no fenótipo dos seus descendentes, contribuindo, também, com metade dos genes para a descendência (Wolf and Wade 2009). O efeito devido ao ambiente comum contribui para a semelhança entre os descendentes de um modo direto, enquanto que os efeitos maternos contribuem para o mesmo mas de uma forma indireta (Gama et al. 2004).

### 3.1.2. BLUP – “Modelo Animal”

O BLUP – Modelo Animal, desenvolvido por Henderson em 1949, é utilizado de forma generalizada para a estimativa de parâmetros genéticos e para a avaliação genética de um ou vários caracteres, podendo considerar-se vários tipos de modelos e de efeitos fixos e

aleatórios (Carolino 2017). As principais vantagens apresentadas por este modelo baseiam-se em ser “*Best*”, por maximizar a correlação entre o valor genético real e o valor genético estimado; “*Linear*”, uma vez que as soluções são obtidas por uma função linear das observações; “*Unbiased*” por proporcionar soluções não enviesadas, no sentido em que a expectativa do valor real, dado o valor estimado, é o próprio valor real; e “*Prediction*” por envolver uma predição dos valores genéticos reais dos indivíduos considerados (Gama et al. 2004).

Com o BLUP - Modelo Animal são estimados simultaneamente os efeitos fixos e os valores genéticos de todos os indivíduos na base de dados (desde que tenham parentescos com indivíduos que possuam registos) (Gama 2002) e, em função da quantidade de informação disponível, a estimativa do valor genético do animal é obtida com maior ou menor precisão. Como se referiu anteriormente, o valor genético, ao representar o valor do indivíduo num programa de seleção para determinada característica ou a soma dos efeitos de cada um dos alelos que afetam essa característica, pode ser quantificado como o dobro do desvio de um grande número de descendentes desse indivíduo com a média da população (Carolino 2017).

Tendo isto em conta, em termos práticos esta metodologia tem vantagens visto considerar: o mérito genético de todos os seus parentes (devido à inclusão da matriz de parentesco), o valor genético dos participantes nos diferentes acasalamentos (i.e., um macho não será prejudicado por acasalar com uma fêmea de mérito inferior, e vice-versa), todos os registos produtivos disponíveis, e os efeitos fixos a que um registo é sujeito (p.ex., diferentes ambientes). A utilização do BLUP requer, contudo, algum cuidado na interpretação dos resultados, já que a fiabilidade das soluções depende da fiabilidade dos dados, da adequação do modelo e dos parâmetros utilizados (Carolino 2017). Através desta ferramenta, é possível estimar o mérito genético de animais que não possuam registos produtivos, desde que sejam aparentados a animais que possuam registos para essa característica (Gama et al. 2004). Algumas situações, como erros nas genealogias ou baixa heritabilidade para determinada característica, podem resultar em erros, conduzindo a estimativas incorretas (Carolino 2017).

Graças a esta metodologia, um animal num ambiente mais desfavorável que outro não é prejudicado quando comparado com outro, em melhores condições ambientais de produção, já que o BLUP – Modelo Animal tem em consideração os diferentes ambientes em que os animais são explorados. Porém a comparação entre valor genético estimado de indivíduos de diferentes explorações só pode ser feita se estas explorações estiverem ligadas geneticamente (Carolino 2017).

Um possível inconveniente deste modelo pode ser o aumento da taxa de consanguinidade, ao se selecionar sucessivamente e em diferentes gerações indivíduos aparentados, resultando em maiores perdas da variabilidade genética e, possivelmente, uma menor resposta à seleção do que a esperada, no que diz respeito às características afetadas pela depressão sanguínea (Carolino 2017).

Para se realizar esta análise é importante definirem-se as características de importância econômica para os objetivos de seleção e melhoramento, definindo também os parâmetros genéticos e efeitos fixos associados àquelas. Nos bovinos de aptidão cárnica devem ser integrados os efeitos aleatórios, como os efeitos genéticos diretos, os efeitos genéticos maternos (representam a produção leiteira, que influencia as características de crescimento) podendo igualmente, ser adicionado o efeito ambiental permanente da vaca. Por outro lado, são incorporados ao modelo misto os efeitos fixos, que traduzem fatores ambientais comuns a um grupo de animais, como por exemplo a exploração de origem, o ano e o mês de nascimento, o sexo do animal ou a idade da mãe ao parto.

Em notação matricial este modelo pode ser representado da seguinte forma (Gama 2002; Gama et al. 2004):

$$Y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_p p + e$$

em que:

$Y$  – Vetor de produções;

$b$  – Vetor de soluções dos efeitos fixos;

$X$  – Matriz de incidências dos efeitos fixos;

$a$  – Vetor de valores genéticos aditivos diretos;

$m$  – Vetor de soluções de efeitos genéticos aditivos maternos;

$p$  – Vetor aleatório de efeitos permanentes da vaca;

$Z$  – Matriz de incidência de  $a$ ,  $m$  e  $p$ ;

$e$  – Vetor dos efeitos residuais.

As equações do Modelo Misto descrevem-se como (Gama et al. 2004):

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z_a & X'Z_m & X'Z_p \\ Z_a'X & Z_a'Z_a + A^{-1}k_{00} & Z_a'Z_m + A^{-1}k_{01} & Z_a'Z_p \\ Z_m'X & Z_m'Z_a + A^{-1}k_{10} & Z_m'Z_m + A^{-1}k_{00} & Z_m'Z_p \\ Z_p'X & Z_p'Z_a & Z_p'Z_m & Z_p'Z_p + I_j k_{22} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ a \\ m \\ p \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z_a'y \\ Z_m'y \\ Z_p'y \end{bmatrix}$$

Em que:

$$\begin{bmatrix} k_{00} & k_{01} & 0 \\ k_{10} & k_{11} & 0 \\ 0 & 0 & k_{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{am} & 0 \\ \sigma_{am} & \sigma_m^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{pe}^2 \end{bmatrix}^{-1} \sigma_e^2$$

### 3.2. Resposta à Seleção

A resposta à seleção ( $\Delta G$ ) depende da variabilidade genética da população, da precisão dos critérios de seleção, da intensidade de seleção e do intervalo de gerações (Rosa et al. 2013). É, então, necessário limitar a consanguinidade e, ao mesmo tempo, maximizar o ganho genético.

Por um lado, a precisão de seleção depende da quantidade e qualidade dos registos disponíveis. A intensidade de seleção determina a proporção de animais que serão necessários como progenitores da geração seguinte, e graças à modernização das técnicas reprodutivas (inseminação artificial e transferência de embriões) este número de animais pode ser reduzido. No entanto, a longo prazo o aumento da intensidade de seleção, isto é, a utilização de um menor número de animais reprodutores, quando realizada em rebanho fechado, pode apresentar um efeito negativo na variabilidade genética (Rosa et al. 2013). Por último, o intervalo entre gerações define-se como o período médio entre duas gerações e, na maioria das populações, podem ser distinguidas duas classes de idades, as jovens e as mais velhas. A informação disponível difere entre classes, já que de uma forma geral, existe menos informação sobre as classes mais jovens do que das classes mais velhas (Rosa et al. 2013). Porém, como o valor genético estimado das classes mais jovens é normalmente superior ao das mais velhas, devido ao melhoramento genético constante, deve-se chegar a um equilíbrio e escolher os animais com EBVs superiores e, ao mesmo tempo, com níveis de precisão superior, para que se diminua o intervalo entre gerações (FAO 2009). Os touros jovens com menores níveis de precisão são também os de custo inferior, pelo que a estratégia de seleção deverá ser utilizar-se um maior número de animais, pelo que se utilizam menos fêmeas por touro, do que as utilizadas normalmente com touros de maior precisão (Rosa et al. 2013).

Sabe-se que, de um modo geral, as características relacionadas com a carcaça e com o crescimento apresentam respostas à seleção mais rápidas do que as características relacionadas com a fertilidade, em virtude dos seus mais baixos valores de heritabilidade (Rosa et al. 2013). Ao serem constatados valores de heritabilidade baixos, deve ser considerada a melhoria das condições ambientais, e o aumento da precisão, através de um aumento da informação fenotípica relacionada com a característica ou do número de registos de animais aparentados.

### 3.3. O Programa *Breedplan*

O Programa *Breedplan* utiliza a tecnologia BLUP para a produção de valores de mérito genético estimados, designados por EBV, para várias características. Os valores são apresentados nas unidades correspondentes (p. ex. kg) ou em percentagem (%). Atualmente, este programa é utilizado na Nova Zelândia, Estados Unidos, Canadá, Argentina, Uruguai, África do Sul, Reino Unido, Hungria e também em Portugal, sendo o programa homologado pela Direção Geral de Alimentação e Veterinária (DGAV) para a raça Aberdeen-Angus. Um programa como o *Breedplan* é especialmente útil pela capacidade de separar a componente ambiental (70% da variabilidade produtiva de um animal) da componente genética (apenas 30% da variabilidade produtiva) (Agriculture Business Research Institute 2019a).

Nos Estados Unidos e Canadá, as estimativas apresentam-se sob a forma de EPDs, sendo que:

$$EPD = \frac{1}{2} EBV$$

O modelo utilizado pelo *Breedplan* foi desenvolvido pela Animal Genetics and Breeding Unit (AGBU) e é comercializado pela Agriculture Business Research Institute (ABRI), consistindo num sistema multi-característica que envolve as características de crescimento, de fertilidade e de carcaça, baseando-se no Modelo Animal (Graser et al. 2005).

Os registos de performance são realizados através das Associações, fornecidos por cada exploração, não existindo um controlo direto sobre os mesmos, que podem ser eliminados quando sejam extremos ou exagerados antes da realização da análise. Alguns registos, como as medições ecográficas da carcaça, têm de ser realizados por entidades acreditadas. Os dados das Associações são enviados à ABRI, e analisados pela AGBU. As análises realizadas são de dois tipos: uma análise múltipla baseada num modelo linear, para todas as características, exceto a facilidade de parto e a docilidade, para as quais é realizada uma análise de modelo de limiar (Graser et al. 2005). O modelo linear é representado nas seguintes equações:

$$Y_{ijklm} = [\mu + CG_i + a_j + m_k + pe_k + s_1^*h_m + e_{ijklm}]\lambda_n$$

$$Y_{ijlm} = [\mu + CG_i + a_j + s_1^*h_m + e_{ijlm}]\lambda_n$$

Em que:

$Y_{ijklm}$  – Registo fenotípico do animal j, descendente da fêmea k, do grupo de manejo i, na manada m;

$Y_{ijlm}$  – Registo fenotípico quando não existem efeitos maternos;



$\mu$  - média da característica analisada;

$CG_i$  – Efeito fixo para o grupo contemporâneo  $i$ ;

$a_j$  – Efeito genético aditivo do animal  $j$ ;

$m_k$  – Efeito genético materno da mãe  $k$ ;

$pe_k$  – Efeito de ambiente permanente materno;

$s_l * h_m$  – Interação genótipo x ambiente do touro  $l$ ;

$e_{ijklm}$  – Efeito residual;

$\lambda_n$  – Heterogeneidade ajustada para o nível  $n$  de variância residual.

$E$  representa-se nas seguintes matrizes, quando existe efeito materno:

$$E = \begin{bmatrix} y \\ a \\ m \\ pe \\ s * h \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; Var \begin{bmatrix} a \\ m \\ pe \\ s * h \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{pe}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_{sh}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

$E$  quando não existe efeito materno:

$$E = \begin{bmatrix} y \\ a \\ s * h \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; Var \begin{bmatrix} a \\ s * h \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{sh}^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Em que:

$b$  – Vetor de efeitos fixos;

$X$  – Matriz de efeitos fixos;

$A$  – Matriz de parentesco.

O modelo utilizado para estimar o mérito genético da facilidade ao parto, que se correlaciona com o peso ao nascimento e a duração da gestação, representa-se na seguinte equação:

$$Y_{ijklmn} = sex_i + dage_j + grade_k + CG_l + a_m + m_n + pe_n + e_{ijklmn}$$

Em que:

$Y_{ijklmn}$  – Score da facilidade ao parto do animal m, de sexo i, de mãe n, no grupo contemporâneo l;

$sex_i$  – Efeito do sexo;

$dage_j$  – Efeito da idade da mãe;

$grade_k$  – Percentagem de classe de raça da mãe.

Antes da resolução das equações, os dados devem sofrer um ajustamento. Em primeiro lugar, a idade dos animais e o seu peso são ajustados para a idade padrão de 200, 400 e 600 dias de idade. A idade da mãe é ajustada através da utilização de equações, linear e quadrática, incluindo um fator de ajustamento para novilhas (visto que, normalmente, produzem vitelos de menor peso) (Graser et al. 2005). Estes fatores de ajustamento são estimados ao serem calculados os componentes da variância.

Para além dos ajustamentos aos dados, os animais são divididos em grupos contemporâneos (GC), dependendo do rebanho, sexo, dia da medição e o grupo de manejo. Adicionalmente, os vitelos gémeos e os vitelos de transferência embrionária são separados noutro GC. Os GC formados são, por sua vez, separados em idades compreendidas entre 45 e 60 dias, dependendo da característica, de forma a diminuir o erro dos fatores de ajustamento. O ano de nascimento não é incluído na separação dos GC, visto que, a época de cobrição pode saltar de um ano para o outro. Os GC formados para as características de fertilidade e peso adulto da vaca são formados por fêmeas acasaladas com o mesmo macho e por época de cobrição. Para além dos fatores de ajustamento utilizados, também é tido em conta o efeito criador-ano, que pode chegar a ter uma influência de 5-10% nos valores de mérito genético. Este efeito traduz as diferenças de variabilidade das observações entre rebanhos por ano.

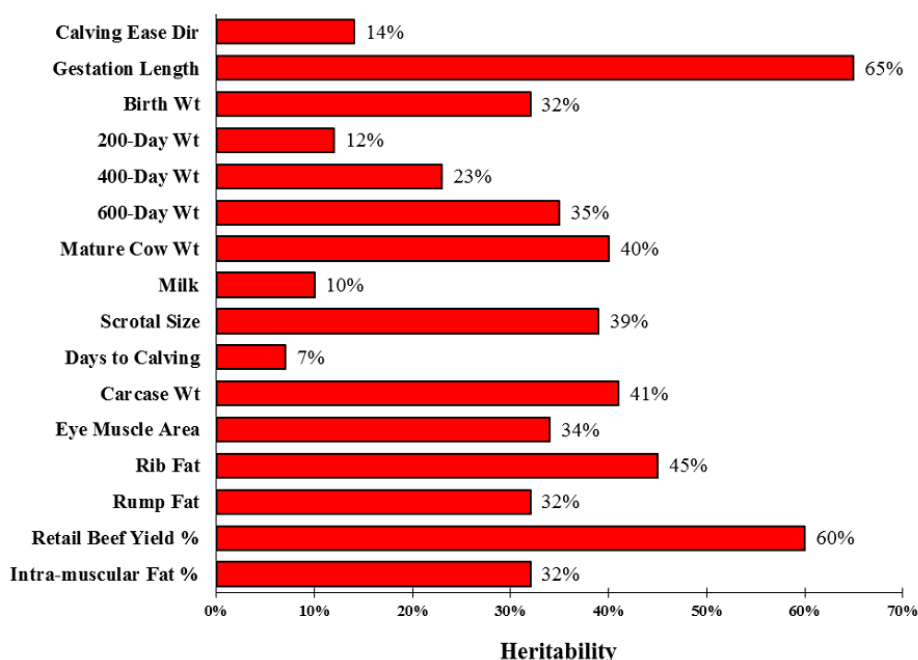
Por outro lado, o agrupamento genético é realizado através da matriz de parentesco, na qual os grupos genéticos são formados por 5 classes de animais base. A estimativa dos parâmetros genéticos, incluindo a heritabilidade, variância aditiva, efeito genético aditivo e a covariância residual, é realizada separadamente para cada característica (Graser et al. 2005).

O software analítico consiste numa sequência de programas que são controlados por ficheiros de parâmetros, permitindo a realização de um número elevado de análises simultaneamente. Os dados são ajustados, como referido anteriormente, as equações são atribuídas aos efeitos, são calculados os coeficientes de consanguinidade e alguns componentes das equações do modelo misto. As equações são resolvidas utilizando-se um algoritmo SOR (successive over-relaxation) (Graser et al. 2005). Por último, a precisão é

calculada após a estimativa dos EBVs, e é expressa a correlação entre o verdadeiro valor do mérito genético e o estimado.

O *Breedplan* sofreu sucessivas melhorias ao longo dos anos, como a incorporação do Breedobject, que consiste na associação de valores económicos às características analisadas, para que o produtor possa selecionar as características mais rentáveis. Para além disso, foram incorporados à análise marcadores moleculares da gordura intramuscular, tal como um EBV de ingestão voluntária e EBVs genómicamente potencializados. Porém, estas alterações ainda não estão disponíveis em Portugal para a raça Aberdeen-Angus, pelo que a seleção dos animais é realizada com base nos valores de mérito genético estimado para as características desenvolvidas no capítulo seguinte.

### 3.3.1. Estimated Breeding Values disponíveis em Portugal



**Figura 6. Valores de heritabilidade utilizados para o cálculo dos valores de mérito genético (Retirado da Associação Americana - *American Angus Association*).**

Em Portugal, como na maioria dos países que utilizam o *Breedplan*, o parâmetro utilizado para medir o valor genético de um animal, em cada uma das características analisadas, são os EBVs. A Figura 6 ilustra a heritabilidade utilizada para cada uma das características pela Associação Americana de Angus para a estimativa dos seus EPDs.

#### 3.3.1.1. EBVs de Fertilidade

O EBV de Perímetro Escrotal é a estimativa da diferença genética da circunferência escrotal, medido entre os 300 e 700 dias, ajustado aos 400 dias. Esta mensuração pode induzir em erro, uma vez que o formato da bolsa escrotal não é perfeitamente circular (Rosa et al. 2013). Um EBV elevado do perímetro escrotal está associado a um aumento da

produção seminal dos touros, da precocidade sexual e da prolificidade das novilhas. Por outro lado, o perímetro escrotal está negativamente correlacionado com a duração da gestação, podendo originar gestações mais curtas (Agriculture Business Research Institute 2019a). Existe também uma relação negativa entre o diâmetro escrotal e a idade das filhas à puberdade. Assim, EBVs de diâmetro escrotal mais elevados reforçam as características de fertilidade das fêmeas (Aberdeen-Angus Portugal 2019a; Agriculture Business Research Institute 2019a).

O EBV de Duração da Gestação é uma estimativa da diferença genética entre animais, no número de dias, desde a data de concepção até ao dia do parto. O cálculo é realizado a partir do registo de nascimento e do dia que o touro é introduzido nas fêmeas ou da IA. Períodos gestacionais menos longos estão normalmente associadas a um menor peso ao nascimento, maior facilidade ao parto e melhor performance reprodutiva. Para além de que, vitelos nascidos com menos dias de gestação têm normalmente maior peso ao desmame (Aberdeen-Angus Portugal 2019a; Agriculture Business Research Institute 2019a).

A duração da gestação, por si só, não é considerada uma característica economicamente importante, mas sim uma característica reprodutiva auxiliar no processo de seleção (Rosa et al. 2013). O interesse nesta característica baseia-se no facto de quanto menor for a gestação, maior será o número de bezerros que um animal poderá produzir ao longo da sua vida útil.

Em relação ao EBV de Facilidade ao Parto, deve ser referido que a dificuldade ao parto tem um impacto negativo óbvio no rendimento da exploração, devido a uma maior mortalidade das crias, a uma performance reprodutiva reduzida e ao aumento da mão-de-obra e dos custos veterinários associados, podendo reduzir a fertilidade da vaca em ciclos posteriores, resultando em intervalos entre partos mais longos. Este dado é calculado através do score da dificuldade ao parto, do peso ao nascimento e da duração da gestação (Agriculture Business Research Institute 2019a).

Existem dois indicadores da facilidade no parto, a direta (DIR), que estima as diferenças genéticas para as crias de um touro, nascerem sem assistência, em primíparas de 2 anos; e o das filhas (DTRS), que estima as diferenças genéticas das filhas de um touro parirem aos 2 anos sem ajuda, e referem as diferenças em percentagem dos partos sem assistência, quanto mais elevado maior a probabilidade de partos fáceis (Aberdeen-Angus Portugal 2019a; Agriculture Business Research Institute 2019a). A questão é problemática, já que nos últimos vinte anos os produtores têm dado uma maior importância às características da carcaça em detrimento desta, sendo, portanto, necessário dar uma maior importância a esta característica, principalmente na seleção de touros que irão cobrir novilhas ou raças mais

pequenas, como as autóctones. Deve ser tida em linha de conta que, quanto maior o valor desta característica, maior a facilidade ao parto, e por isso, devem ser selecionados os animais com os valores mais elevados (Agriculture Business Research Institute 2019a).

Esta é também uma das características que pode gerar algumas discrepâncias, sendo que a facilidade ao parto é medida numa escala de 0-5, em que a avaliação de 0 existe quando não é necessária assistência, e de 5 quando é necessário que o veterinário realize uma cesariana. Ao serem os produtores a realizar a sua avaliação, os registos são subjetivos (Farmers Weekly 2016).

### **3.3.1.2. EBVs relativos ao crescimento**

O EBV de Peso ao Nascimento é uma estimativa da diferença genética no peso ao nascimento. Quanto mais baixo for o valor de EBV mais leve será o vitelo ao nascimento. Um menor peso ao nascimento está associado a uma maior facilidade ao parto. Porém, este não deve ser demasiado baixo, de forma a haver um bom índice de crescimento até ao desmame (Aberdeen-Angus Portugal 2019a; Agriculture Business Research Institute 2019a). A medição pode gerar alguma discrepância pois, por um lado, o vitelo ao ser pesado nas primeiras 24 horas de vida, o seu peso pode ser influenciado pela quantidade de colostro ingerida, e por outro lado porque existem diferentes métodos para o pesar (Farmers Weekly 2016).

Existem duas componentes da característica de peso aos 200 dias, a componente materna e a componente direta. O EBV de peso aos 200 dias é a estimativa das diferenças genéticas entre o peso vivo de animais aos 200 dias, que é medido entre os 80 e os 300 dias de idade, representando, assim, a componente direta. Expressa-se em kg, sendo que, valores mais elevados são mais favoráveis ao crescimento do vitelo entre o nascimento e o desmame.

Assim sendo, o EBV de Produção Leiteira representa a componente materna do peso aos 200 dias, e é a estimativa da capacidade leiteira de um animal. No caso dos machos, este EBV indica a capacidade aleitante das filhas, herdada do pai, para o peso aos 200 dias dos filhos. Os valores expressam-se em kg (Aberdeen-Angus Portugal 2019a).

A produção de leite de uma vaca tem uma enorme influência no crescimento do vitelo (Aberdeen-Angus Portugal 2019a), pelo que a seleção de animais com EBV de produção leiteira elevado pode ser vantajosa quando estas se encontram em ambientes nutricionais favoráveis ou quando os vitelos são vendidos ao desmame (Agriculture Business Research Institute 2019b). Por outro lado, a produção de leite tem um custo associado, que deve ser equilibrado com a taxa de crescimento do vitelo. Posto isto, uma vaca que canalize toda a sua energia para a produção de leite irá perder condição corporal, prejudicando o retorno ao cio, e assim, a sua fertilidade e eficiência (Boon and Signet Breeding Services 2015).

Os EBVs de Peso aos 400 e aos 600 dias são a estimativa das diferenças genéticas do peso vivo aos 400 e aos 600 dias. O cálculo é realizado tendo em conta os registos de peso dos vitelos entre os 301 e os 500 dias de idade, e ajustados para os 400 dias. Para o peso aos 600 dias, são consideradas as medições entre os 501 e 900 dias de idade. A seleção pelo peso aos 400 dias é mais relevante para os produtores que vendam os animais com um ano de idade, e por outro lado, a seleção pelo peso aos 600 dias, é mais relevante para os produtores que vendam animais para abate diretamente (Agriculture Business Research Institute 2019a).

Os registos dos pesos aos 400 e 600 dias, importantes dado serem aferidos na vizinhança da fase reprodutiva ou da de abate, são amplamente utilizados para o cálculo de parâmetros genéticos (Rosa et al. 2013). Apesar de, nesta fase, existir menor influência materna no crescimento, os valores da heritabilidade materna são, maioritariamente, moderados e, os valores da heritabilidade direta, elevados (Rosa et al. 2013).

Por último, o EBV de Peso Adulto é a estimativa da diferença genética do peso vivo de uma vaca com 5 anos. As medidas são normalmente realizadas quando se pesa o seu vitelo aos 200 dias. Este EBV é indicativo do crescimento na fase adulta, das necessidades alimentares da vaca (vacas mais leves tendem a comer menos), e do peso de refugo (vacas mais pesadas representam um valor mais elevado ao abate) (Aberdeen-Angus Portugal 2019a; Agriculture Business Research Institute 2019a).

A seleção de animais que apresentam melhores taxas de crescimento, normalmente levam a um aumento no peso da vaca adulta. Este aspeto é mais preocupante em sistemas em que o alimento é limitado e, nesta situação, é preferível ter animais mais pequenos que tenham menores necessidades alimentares. Desta forma, é mais provável que mantenham scores de condição adequados e tenham maior facilidade em ficarem gestantes (Agriculture Business Research Institute 2019a). É importante referir que, animais com taxas de crescimento mais elevadas transformam o alimento de forma mais eficiente (Rosa et al. 2013), pelo que o custo de alimentação por quilograma de carne produzida será menor e o tempo necessário para atingir o peso de abate também. No entanto, deve existir um equilíbrio, porque a seleção de animais unicamente pelo seu peso pode levar a maiores dificuldades ao parto e ao aumento do peso da vaca adulta (Boon and Signet Breeding Services 2015).

#### **3.3.1.3. EBVs relativos à carcaça**

O EBV de Peso da Carcaça é a estimativa da diferença genética do peso da carcaça medido a uma idade padrão de 650 dias, expressando-se em kg. A descendência de animais, com valor elevado para esta característica, irá ter um peso da carcaça superior. Valores mais

elevados deste EBV são normalmente preferidos, já que indicam maior lucro para o produtor (Agriculture Business Research Institute 2019a).

O EBV de Rendimento da Desmancha é a estimativa da diferença genética no rendimento de desmancha de uma carcaça de 300 kg. Touros com EBVs mais altos produzem filhos com maior rendimento de desmancha, expressando-se em percentagem (Aberdeen-Angus Portugal 2019a; Agriculture Business Research Institute 2019a).

O EBV de Área do *Longissimus dorsi* é a estimativa das diferenças genéticas da área do músculo *Longissimus dorsi*, medida entre a 12ª e a 13ª costela. É calculado pelas medições efetuadas por ultrassonografia, in vivo, e pelos dados obtidos ao abate, ajustados a um peso de uma carcaça de 300 kg. Dos animais com valores superiores deste EBV é esperado que tenham filhos com maior expressão muscular, e maiores rendimentos de desmancha, expressando-se em cm<sup>2</sup> (Aberdeen-Angus Portugal 2019a; Agriculture Business Research Institute 2019a).

O EBV de Gordura de Cobertura é calculado pelas medições da gordura subcutânea efetuadas por ultrassonografia, in vivo, e dos dados obtidos ao abate, ajustados a um peso de carcaça de 300 kg. Animais com valores reduzidos desta característica espera-se que produzam filhos com carcaças mais magras, independentemente do peso da carcaça. O EBV expressa-se em milímetros (mm) (Aberdeen-Angus Portugal 2019a; Agriculture Business Research Institute 2019a).

Por um lado, este EBV é extremamente relevante ao selecionar fêmeas de reposição, sabendo que animais com linhas maternas mais magras tendem a ser menos férteis, principalmente em ambientes nutricionais mais restritos (Boon and Signet Breeding Services 2015; Agriculture Business Research Institute 2019a). Por outro lado, ao selecionar animais com elevada conformação muscular e taxas de crescimento, devem também ser selecionados EBVs de gordura de cobertura ligeiramente positivos, de forma a assegurar que a descendência tenha um acabamento correto (Boon and Signet Breeding Services 2015). Para além disto, a gordura de cobertura é relevante para a proteção da carcaça contra a diminuição de temperatura nas câmaras de refrigeração, podendo existir endurecimento e escurecimento da carne em carcaças com acabamento pobre (Rosa et al. 2013).

É também importante referir que existe uma correlação negativa entre a gordura de cobertura e a área do *Longissimus dorsi* (Reverter et al. 2003; Rosa et al. 2013; Pitchford 2014), isto é, animais com EBVs elevados de gordura de cobertura irão produzir descendência mais precoces, tanto em termos reprodutivos como de acabamento da carcaça, porém menor área do *Longissimus dorsi*, e assim, menor rendimento de desmancha (Agriculture Business Research Institute 2019a).

O EBV de Gordura Intramuscular é a estimativa da diferença genética na gordura intramuscular (marmoreado) da carcaça, medida ente a 12ª e a 13ª costela. São normalmente preferidos, valores mais elevados deste EBV, principalmente em mercados que valorizem a qualidade da carcaça (Agriculture Business Research Institute 2019a).

### **3.3.2. EBVs de eficiência alimentar**

Há estudos que demonstram que a eficiência alimentar pode ter um efeito profundo no resultado económico da produção de bovinos de aptidão cárnica (Rosa et al. 2013). Sendo evidente a importância desta característica para a seleção de animais que sejam eficientes na conversão alimentar e assim, promover-se a eficiência económica na exploração.

A maior dificuldade na seleção desta característica é não existir um índice ou medida precisa, pelo que, é adotada, geralmente, a do consumo alimentar residual (*Residual Feed Intake*), que representa a diferença do consumo individual observado e o consumo estimado para determinado peso e crescimento. A utilização de medidas brutas para se selecionar animais mais eficientes, como a conversão alimentar, por exemplo, pode ter um efeito no peso adulto médio da população, o que leva à existência de maiores necessidades de manutenção, podendo haver consequências negativas quando os animais estão expostos a ambientes menos favoráveis. Desta forma, o consumo alimentar residual (RFI), ao ser um índice ajustado para o peso vivo, evita a seleção de animais de peso vivo elevado (Rosa et al. 2013).

Para além disto, sabe-se que existe uma relação entre a eficiência alimentar e a deposição de gordura e, ao selecionarem-se animais mais eficientes, pode resultar uma redução na deposição de gordura de cobertura e na gordura intramuscular (Rosa et al. 2013) e, desta forma, obterem-se animais mais magros (Lindholm-Perry et al. 2011).

### **3.3.3. EBVs genómicos**

Com a rápida evolução e popularização das tecnologias da genética molecular, começaram a surgir diversas abordagens para o seu uso, com o objetivo de otimizar a precisão das avaliações genéticas (Rosa et al. 2013). Os marcadores moleculares são variações no genoma que podem caracterizar as diferenças genéticas entre indivíduos. A sua importância reside na sua possível associação às características de produção ou às doenças genéticas, podendo contribuir para o progresso genético (Rosa et al. 2013).

Atualmente, com a generalização das técnicas de IA e de Transferência de embriões (TE), há uma preocupação com a redução da variabilidade genética da população. Para esta avaliação têm sido amplamente utilizados os marcadores moleculares (de Mello Klocker



Vasconcellos et al. 2003). Vários estudos demonstram que é possível associar variações de performance a algumas regiões de genoma - os *Quantitative Trait Loci* (QTL), podendo conter um ou vários genes que influenciem a performance. Os marcadores, por outro lado, são utilizados como pontos de referência. Os marcadores utilizam-se para aumentar a precisão dos EBVs, de forma a contribuir para um processo de seleção mais eficaz (Rosa et al. 2013).

Os principais inconvenientes desta metodologia são, por um lado, ser dispendiosa, pelo que deve ser realizada em diferentes etapas para minimizarem-se os custos, e a dificuldade de detetar associações desproporcionais com os métodos estatísticos existentes. De forma a calcular os efeitos dos *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs) é necessário selecionar uma amostra da população que seja representativa e formada por indivíduos com fenótipo e genótipo conhecidos. Assim, podem ser identificados, posteriormente, os animais superiores sem ser necessário ter informação fenotípica dos mesmos (Rosa et al. 2013).

Os marcadores microssatélites têm sido principalmente úteis para se detetarem erros de paternidade e para garantir a precisão dos programas de reprodução, de forma a que a ascendência dos indivíduos seja avaliada para se calcular o seu valor genético (de Mello Klocker Vasconcellos et al. 2003). Por outro lado, a utilização de painéis de SNPs de densidade variável permite estabelecer programas de seleção genómica, em que é considerado para cada indivíduo o perfil dos marcadores genéticos associados às características produtivas que estamos a selecionar. Desta forma, consegue praticar-se uma seleção mais precisa e precoce, conseguindo-se assim um maior progresso genético.

Atualmente, não se sabe se a seleção genómica por si só é mais eficaz do que a fenotípica (EBVs), pelo que, se calculam índices combinados de informação fenotípica e genómica (*genomically enhanced EBVs*). Existem dois métodos para a obtenção destes índices, o *single-step genomic selection* e o *multi-step genomic selection*. O primeiro (simples ou avaliação genómica convencional) utiliza as informações dos SNPs para criar uma matriz genómica de parentesco, que é depois utilizada nas equações dos modelos mistos para o cálculo dos EBVs. A múltipla, por outro lado, combina os EBVs fenotípicos com os EBVs genómicos num único índice. Os resultados da simples têm sido mais favoráveis do que a múltipla (Rosa et al. 2013).

Em 2011 foi acrescentada na Austrália esta nova particularidade ao *Breedplan*, com a possibilidade de incorporação da informação dos testes genómicos nos EBVs para as diferentes características produtivas. Atualmente, esta funcionalidade já existe noutros países, e em Portugal está a ser desenvolvida. Para que isto fosse possível determinou-se a magnitude do efeito de 50.000 SNPs, em 13 características. Depois estes efeitos são reportados para cada animal em forma de uma medida de mérito genético ou *Molecular Value*

*Predictions (MVPs)*(Southern Beef Technology Services and Tropical Beef Technology Services 2011).

De uma forma geral, quanto maior for a descendência de um animal, mais preciso será o seu EBV, e um EBV baseado unicamente em testes genômicos permite um aumento da precisão sem que o animal tenha gerado descendência. É importante notar que aprimorar genômicamente um EBV não o altera, apenas melhora a sua precisão (Boon and Signet Breeding Services 2015).

Para além das vantagens apresentadas pelos EBVs genômicos no melhoramento das características produtivas, podem também existir vantagens no âmbito da variabilidade genética e da consanguinidade. Sabe-se que um dos problemas do método BLUP é o aumento da consanguinidade, pelo que ao conhecer-se o genoma dos animais utilizados na seleção, de uma forma generalizada, tem-se uma estimativa mais correta da semelhança genética entre indivíduos, para além de que, é possível avaliar a verdadeira distância genética entre animais nacionais e os estrangeiros importados (Rosa et al. 2013).

#### **4. O melhoramento genético na raça Aberdeen-Angus**

Como referido anteriormente, o melhoramento genético na raça Aberdeen-Angus teve início no século XVIII, e podem ser definidas três linhagens principais de ascendentes. A primeira e mais numerosa, é composta por indivíduos descendentes da exploração de *Ballindalloch*. Obviamente, não existem animais nesta raça que não tenham nenhuma influência de *Ballindalloch*, mas os pertencentes a este grupo distinguem-se pela grande influência dos touros: *Cupbearer*, *Black Prince de Tillyfour* e *Trojan*. Por outro lado, existe o efetivo americano, grande e em constante crescimento. Este distingue-se, porque apesar de ter uma elevada influência dos touros de *Ballindalloch* e *Tillyfour*, a sua maior influência advém do touro *Black Woodlawn 42088*, que tem uma origem mais variada do que a dos rebanhos britânicos. A superioridade genética deste touro, transferida para a sua descendência, resultou numa enorme dispersão e, portanto, deve ser tida em conta como uma descendência à parte: a “Descendência Americana da Raça” (*American-breed strain*). Os animais deste grupo apresentam igualmente uma elevada ligação parental com o touro *Black Prince*, mas mais baixa com o *Cupbearer* e o *Trojan*. Assim, os exemplos típicos deste grupo são *Tenth Laird de Estill* e *Black Monarch de Emerson* (Malin 1923).

São muitos os aspetos que tornam esta raça vantajosa em relação a outras mais utilizadas e mundialmente mais dispersas. As principais medidas de eficiência biológica utilizadas no rebanho ou individualmente, são quilos de vitelo desmamado por vaca em reprodução, quilos de carcaça de vitelo por cada vaca em reprodução por energia consumida, e quilos de carne limpa por cada vaca em reprodução por unidade de energia consumida

(Matos 2010). Para além disto, existem alguns indicadores de eficiência, como a eficiência de conversão alimentar (FCE) e RFI, que têm vindo a ganhar importância, por serem independentes do crescimento e do peso corporal, e ainda, por o RFI ter uma heritabilidade moderada, podendo-se tornar num elemento importante à seleção genética (Matos 2010; Rosa et al. 2013). É necessário ter em consideração que vacas maiores implicam maiores “inputs”, por terem maior massa corporal para ser mantida, e por existir maior exigência produtiva (Burrow and Prayaga 2004; Matos 2010; Snelling et al. 2019). Para além disto, o nível energético das vacas tem um grande impacto a nível reprodutivo e, num ambiente de abundância alimentar, não há diferenças consistentes em eficiência entre os vários tipos biológicos ou raças, mas há uma tendência para as raças de maior peso/tamanho, ou com maiores produções leiteiras, serem mais eficientes do que as raças mais pequenas. Porém, em condições de restrição alimentar e/ou em ambiente stressante, os tipos biológicos/raças de tamanho e produção leiteira moderada tendem a estar melhor adaptados e ultrapassam em eficiência as anteriores (Matos 2010). Para além destes aspetos, é necessário ter em conta a longevidade dos animais. A raça Aberdeen-Angus é conhecida pela sua longevidade (Matos 2010), tendo existido uma vaca célebre na história desta raça, a *Old Granny*, que viveu 36 anos e produziu 29 vitelos (Briggs 1980; The Cattle Site 2019).

Por último, esta raça é especialmente conhecida pelo seu ponto de acabamento e pela qualidade da carne. Ao serem animais mais pequenos, tendem a ser mais eficientes e mais precoces na deposição de gordura/acabamento, obtendo-se um grau elevado de tenrura, que é influenciada diretamente pela quantidade de tecido conjuntivo, que aumenta com a idade do animal. Para além da tenrura, a suculência, a textura, o “flavour”, a cor e o brilho da carne, são características suscetíveis de influenciar a preferência do consumidor, tendo a raça Aberdeen-Angus obtido as pontuações mais elevadas nestas características em diversos estudos, quando comparada com outras (Matos 2010).

### **III. Trabalho Experimental**

#### **1. Objetivos**

Este trabalho experimental teve como objetivo analisar o melhoramento animal realizado na exploração AgriAngus através da seleção e da implementação do programa do *Breedplan*, gerido através da Associação Aberdeen-Angus Portugal. Para a realização deste trabalho foram analisados os dados do *Breedplan* da exploração e, para além disto, executada

uma análise BLUP – Modelo Animal, de forma a serem avaliados os parâmetros genéticos e comparados os valores de mérito genético do *Breedplan* com os desta última, que são apenas analisados com base nos animais nascidos na exploração não sendo por isso, influenciados pelos dados dos seus parentes, noutras localizações. Ao realizar o BLUP, é possível também, calcular os valores dos parâmetros genéticos para as características de peso, do perímetro escrotal, da consanguinidade e, dos efeitos de alguns fatores como o sexo, o ano de nascimento e o mês de nascimento nas características estudadas.

## 2. Material e Métodos

### 2.1. Material

#### 2.1.1. Amostra e tratamento dos dados

Este estudo teve por base a análise de registos de 1032 animais da raça Aberdeen-Angus pertencentes à exploração AgriAngus, situada na freguesia de Asseiceira (Tomar).

Foram realizadas duas análises distintas. Em primeiro lugar, através da base de dados do *Breedplan* foram utilizados os valores de EBV individuais de 481 animais inscritos nesta plataforma para a realização de uma análise de regressão linear, incluindo-se as características de fertilidade (facilidade ao parto direta e das filhas, duração da gestação e perímetro escrotal), características de peso (peso ao nascimento, aos 200, 400 e 600 dias, peso adulto e produção leiteira) e características da carcaça (peso da carcaça, rendimento de desmancha, área do *Longissimus dorsi*, gordura de cobertura e gordura intramuscular).

Deve ser referido que os dados existentes das características da carcaça foram obtidos, maioritariamente, em animais não pertencentes à exploração AgriAngus e, por esta razão, existe um maior número de registos na característica de rendimento da desmancha do que na característica de peso da carcaça. Para as características de área do musculo e gordura de cobertura foram realizadas algumas medições *scan* na exploração.

Para a realização desta análise foi feita, em primeiro lugar, uma análise estatística descritiva, apresentada na Tabela 1, à qual se acrescenta a Tabela 2 com o número de observações por ano de nascimento. Deve ser tido em atenção que os dados analisados são os valores de mérito genético estimados pelo *Breedplan* e não os dados fenotípicos.

**Tabela 1. Análise estatística descritiva dos dados obtidos do *Breedplan*.**

Característica	Nº de Observações	Média	Desvio padrão
<b>Facilidade de parto Direta (%)</b>	471	-0,58	3,08
<b>Facilidade de parto Filhas (%)</b>	379	1,30	1,76
<b>Perímetro escrotal (cm)</b>	153	1,16	0,79

<b>Duração da gestação (d)</b>	207	-0,42	1,16
<b>Peso ao Nascimento (kg)</b>	477	2,83	1,49
<b>Peso aos 200 dias (kg)</b>	475	41,18	6,61
<b>Peso aos 400 dias (kg)</b>	475	72,62	11,69
<b>Peso aos 600 dias (kg)</b>	475	84,92	13,66
<b>Peso adulto (kg)</b>	217	76,62	18,90
<b>Produção Leiteira (kg)</b>	297	10,99	4,41
<b>Peso da Carcaça (kg)</b>	33	59,82	10,26
<b>Rendimento da Carcaça (%)</b>	155	0,63	0,61
<b>Área Longissimus dorsi (cm<sup>2</sup>)</b>	183	4	1,39
<b>Gordura cobertura (mm)</b>	193	-0,47	0,93
<b>Gordura intramuscular (%)</b>	136	0,36	0,32

**Tabela 2. Número de observações por ano de nascimento para cada uma das características analisadas.**

<b>Característica / Ano</b>	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020
<b>FP direta (%)</b>	1	1	26	1	11	15	41	70	5	126	135	10
<b>FP filhas (%)</b>	1	1	22	1	8	14	39	55	5	101	99	6
<b>D. gest (d)</b>	1	1	22	0	9	12	24	30	0	33	54	0
<b>P. nasc. (kg)</b>	1	1	26	1	11	15	41	74	5	128	134	10
<b>P200 (kg)</b>	1	1	26	1	11	15	41	72	5	127	135	10
<b>P400 (kg)</b>	1	1	26	1	11	15	41	72	5	127	135	10
<b>P600 (kg)</b>	1	1	26	1	11	15	41	72	5	127	135	10
<b>P. adulto (kg)</b>	1	1	25	0	8	12	20	21	4	79	29	1
<b>P. Leite (kg)</b>	1	1	26	1	11	15	41	70	5	53	47	3
<b>P. escro. (cm)</b>	1	1	21	0	7	9	23	16	1	46	5	0
<b>P. carcaça (kg)</b>	1	0	1	0	4	3	10	0	0	0	0	0
<b>A. musc. (cm<sup>2</sup>)</b>	1	1	13	0	6	9	22	31	0	67	9	0
<b>Es. gord. (mm)</b>	1	1	15	0	6	9	24	38	0	66	9	0
<b>R. carcaça (%)</b>	1	1	13	0	6	9	23	34	0	42	3	0
<b>Gordura im(%)</b>	1	1	9	0	6	9	18	28	0	35	6	0

Por outro lado, foi feita uma análise intra-exploração, através do mesmo método BLUP – Modelo Animal, de forma a serem estimados os valores de mérito genético dos animais da exploração, de forma independente. Para tal, foram obtidos, através do software e-exploração e Genpro da Ruralbit, os dados das características produtivas e reprodutivas dos animais e as suas genealogias, que foram completadas através da base de dados do *Breedplan*. Os dados existentes contêm a informação individual de cada animal: identificação, sexo, identificação do pai, mãe e avós, data de nascimento, data de nascimento da mãe, medições de peso ajustados ao nascimento e aos 200, 400 e 600 dias, perímetro escrotal e a respetiva

data de medição. Dos 1032 animais incluídos na base de dados, apenas 879 animais eram puros Aberdeen-Angus com pelagens vermelha ou preta, e destes apenas 665 animais incluíam medições de pesagens e/ou medição do perímetro escrotal, sendo utilizados para a realização do BLUP, que compunham uma matriz de parentesco de 1686 animais.

Nas Tabelas 3, 4, 5 e 6 apresentam-se as frequências absolutas e percentagens do número de animais analisados por mês de nascimento, ano de nascimento, sexo e pelagem, respectivamente.

**Tabela 3. Frequência absoluta de animais analisados por mês de nascimento.**

<b>Mês de Nascimento</b>	<b>Frequência Absoluta</b>	<b>Percentagem</b>
<b>Janeiro</b>	70	10,53
<b>Fevereiro</b>	35	5,26
<b>Março</b>	32	4,81
<b>Abril</b>	26	3,91
<b>Maio</b>	15	2,26
<b>Junho</b>	14	2,11
<b>Agosto</b>	17	2,56
<b>Setembro</b>	115	17,29
<b>Outubro</b>	131	19,70
<b>Novembro</b>	133	20,00
<b>Dezembro</b>	77	11,58
<b>Total</b>	665	100

**Tabela 4. Frequência absoluta de animais analisados por ano de nascimento.**

<b>Ano de Nascimento</b>	<b>Frequência absoluta</b>	<b>Percentagem</b>
<b>2013</b>	37	5,56
<b>2014</b>	58	8,72
<b>2015</b>	52	7,82
<b>2016</b>	83	12,48
<b>2017</b>	101	15,19
<b>2018</b>	172	25,86
<b>2019</b>	150	22,56
<b>2020</b>	12	1,80

<b>Total</b>	665	100
--------------	-----	-----

**Tabela 5. Frequência absoluta de animais analisados por sexo.**

<b>Sexo</b>	<b>Frequência Absoluta</b>	<b>Percentagem</b>
<b>Castrados</b>	46	6,92
<b>Machos</b>	291	43,76
<b>Fêmeas</b>	328	49,32
<b>Total</b>	665	100

**Tabela 6. Frequência absoluta de animais analisados por tipo de pelagem.**

<b>Pelagem</b>	<b>Frequência Absoluta</b>	<b>Percentagem</b>
<b>Vermelhos</b>	149	22,41
<b>Pretos</b>	516	77,59
<b>Total</b>	665	100

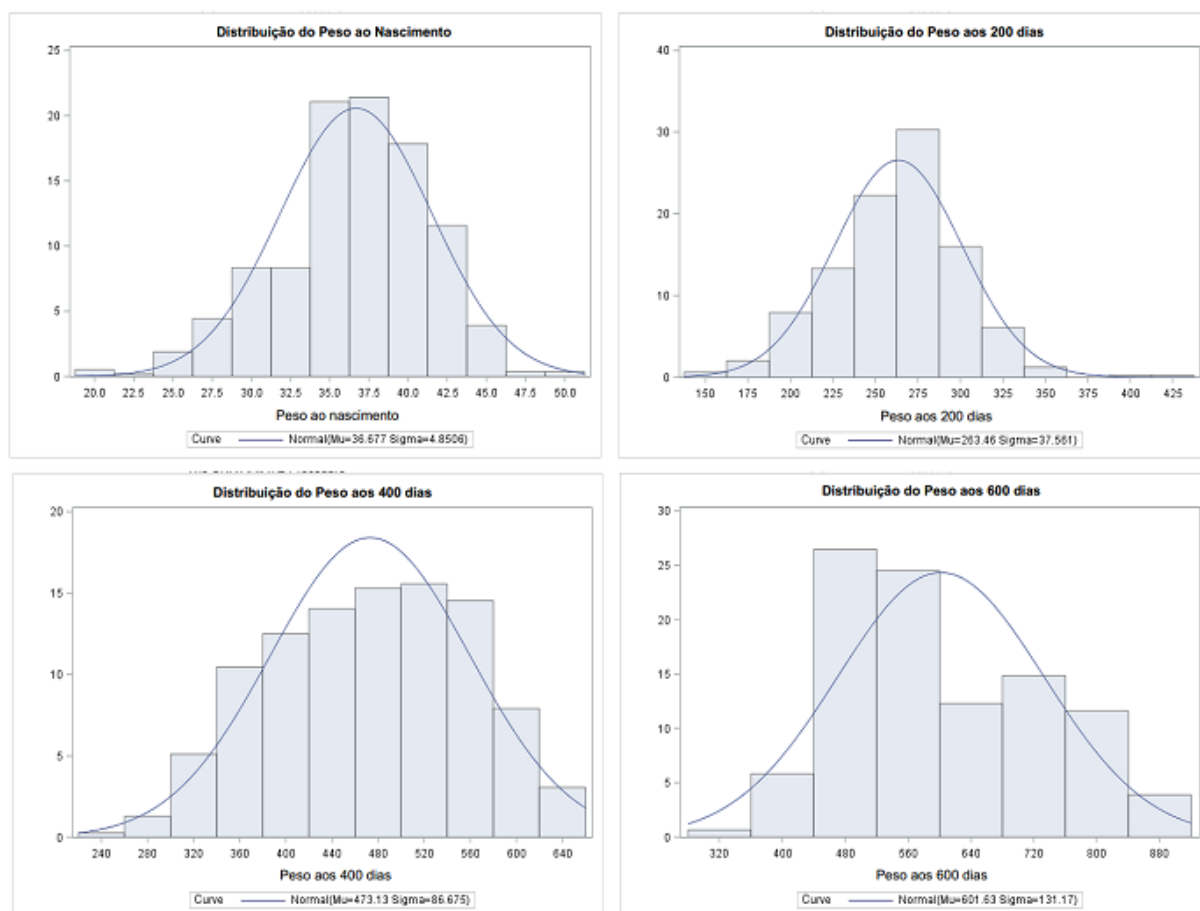
O ano de nascimento com maior expressão é o ano de 2018, apesar de todos os animais nascidos em 2020 ainda não estarem incluídos na base de dados. O mês de nascimento mais expressivo é o mês de Novembro, seguido do mês de Outubro e Setembro. Para além disto, é de notar que não existem nascimentos no mês de Julho. Quanto ao sexo dos animais, 49,32% são fêmeas. Porém, nesta base de dados não estão incluídas muitas das fêmeas importadas e outros animais que não tinham informação fenotípica (pesagens), fazendo com que este valor seja subestimado relativamente ao valor real das fêmeas na exploração. Além disto, 77,59% dos animais analisados têm a pelagem preta, mais comum nesta raça.

**Tabela 7. Descrição estatística dos dados fenotípicos das características analisadas.**

<b>Característica</b>	<b>Nº Observações</b>	<b>Média (Desvio Padrão)</b>	<b>Mínimo</b>	<b>Máximo</b>
<b>Peso Nascimento (kg)</b>	589	36,68 (4,85)	20	50
<b>Peso 200 dias (kg)</b>	495	263,46 (37,56)	147,6	430,7
<b>Peso 400 dias (kg)</b>	392	473,23 (86,67)	228,9	656,8
<b>Peso 600 dias (kg)</b>	155	601,63 (131,17)	332,3	897,9
<b>Perímetro Escrotal (cm)</b>	136	36,71 (3,72)	26	48
<b>Idade da Mãe (anos)</b>	665	4,21 (1,91)	1,41	13,65

Na Tabela 7 registra-se a descrição estatística das diferentes características analisadas para a realização deste estudo. A variável do peso aos 600 dias foi retirada das análises posteriores, pois os resultados eram menos credíveis, visto existirem poucas observações, e a sua distribuição não ser aceitável. É importante referir que mãe com menos idade tem 1,41 anos (dado calculado automaticamente no SAS) e, a mais velha, tem praticamente 14 anos.

**Figura 7. Distribuição das características de peso ao nascimento, aos 200, 400 e 600 dias.**



Para visualizar a distribuição das variáveis foi efetuado um histograma para cada uma (Figura 7), e pode-se verificar que tanto a distribuição da característica de peso ao nascimento e de peso aos 200 dias têm uma distribuição aproximadamente normal e aceitável. Porém a característica de peso aos 400 dias, já é menos aceitável e, por último, a distribuição da característica de peso aos 600 dias afasta-se bastante da normalidade. As distribuições terão influência nos resultados dos valores genéticos para cada característica, e por esta razão e por existirem poucos dados na característica de peso aos 600 dias, a mesma foi eliminada da análise.

## 2.2. Métodos



A informação do mérito genético de uma população de animais com a finalidade de reprodução é essencial para o delineamento de estratégias de cruzamento e aplicação de programas de seleção, e também para análise da eficácia dos já implementados.

Para a análise dos valores dos EBVs estimados no *Breedplan* foi realizada para cada característica, uma análise de regressão no ano de nascimento para os animais presentes na exploração, de forma a avaliar a evolução do mérito genético ao longo do tempo. Para esta análise foi criado um ficheiro com os dados dos valores de EBVs de cada animal e a precisão para cada uma das características, composto por registos de 481 animais. Estes dados foram inicialmente recolhidos e processados em folha de cálculo Microsoft Excel®, e, desta forma foram verificados e validados para consistência de datas, identificação individual, duplicados, etc. Para avaliar as tendências genéticas dos EBVs de cada característica incluída no relatório do *Breedplan* (isto é, as variáveis de interesse ou de resposta) por ano de nascimento (isto é, a variável independente), foi utilizado o Método dos Quadrados Mínimos no SAS® (*Statistical Analysis System*). O objetivo da utilização deste modelo foi a inclusão da análise de regressão linear, sendo importante referir que um modelo estatístico apenas nos descreve a tendência de fundo. Portanto, não é obrigatório que exista uma relação causa-efeito, mas uma associação entre as variáveis. A análise estatística descritiva foi realizada no programa *Rstudio*.

### **2.2.1. Análise intra-exploração**

Para calcular os valores de mérito genético da população foi feita uma análise BLUP com o programa MTDFREML (Boldman et al. 1993).

Para o cálculo dos parâmetros genéticos, dos efeitos fixos e estimativa do mérito genético dos animais e da sua precisão, foram utilizados registos de 665 animais, relativos às características de peso ao nascimento e aos 200, 400 e 600 dias da exploração incluídos na base de dados do programa e-exploração da Ruralbit, e as genealogias extraídas do mesmo programa e complementadas com os dados do *Breedplan*. Ficaram assim disponíveis para análise 589 registos de peso ao nascimento (PN), 495 registos de pesos aos 200 dias (P200) e 392 registos de pesos aos 400 dias (P400). Os pesos aos 600 dias foram retirados da análise, visto serem em número reduzido e não produzirem resultados fidedignos. Para além destes dados, foram ainda analisados 136 registos de perímetro escrotal (PE).

A matriz de parentesco incluiu 1.686 animais, e as análises foram realizadas com o auxílio do programa MTDFREML – *Multipe Trait Derivate Free Restricted Maximum Likelihood* (Boldman et al. 1993; Gama et al. 2004), que permite a estimativa dos parâmetros genéticos, a predição de valores genéticos e a estimativa dos efeitos fixos, utilizando-se o BLUP – Modelo Animal, através de análises univariadas ou multivariadas por máxima verosimilhança

restrita (REML). O modelo pode incluir efeitos genéticos aditivos, efeitos aleatórios correlacionados ou independentes e efeitos fixos descontínuos e covariáveis específicas consoante as características estudadas (Gama et al. 2004). O MTDFREML funciona com três subprogramas, o MTDFNRM, o MTDFPREP, MTDFRUN. O MTDFNRM calcula o inverso da matriz de parentesco ( $A^{-1}$ ), avaliando-se assim, o coeficiente de consanguinidade. No MTDFPREP define-se o modelo a utilizar, ou seja, o número de caracteres a incluir na análise, os efeitos fixos, as covariáveis, os efeitos aleatórios e os efeitos permanentes. No MTDFRUN escolhe-se o tipo de análise a efetuar e os outputs, que podem ser: componentes de (co)variância, estimativas de efeitos fixos, efeitos aleatórios e variâncias amostrais, estimativas de valores genéticos, estimativas de efeitos permanentes e erros padrão das soluções.

No caso presente, o modelo utilizado para a análise do peso nas diferentes fases teve em consideração os efeitos genéticos diretos, os efeitos genéticos maternos, efeito materno ambiental permanente e o efeito ambiental temporário. Para a análise do perímetro escrotal foram considerados apenas o efeito genético direto e o efeito ambiental temporário.

Os valores da consanguinidade foram calculados através da matriz de parentesco, a partir do *software* CFC. Os dados de genealogias utilizados para o cálculo da consanguinidade, foram os mesmos utilizados para a estimativa dos valores genéticos para o peso ao nascimento, aos 200 e 400 dias e para o perímetro escrotal.

Por último, foi realizada uma análise de regressão, novamente, com os valores de mérito genético calculados através do BLUP, de forma a avaliar-se a evolução dos valores de mérito genético dos animais nascidos na exploração e poder compará-la com a análise realizada com os valores estimados pelo *Breedplan*. Esta análise foi efetuada com o *software RStudio*, tal como os gráficos para a mesma análise. Tal como a análise de regressão efetuada para os valores do *Breedplan*, as variáveis dependentes ou de resposta são os valores de mérito genético para as características de peso nas diferentes fases do crescimento e para o perímetro escrotal, e a variável independente corresponde ao ano de nascimento dos animais.

#### **2.2.1.1. Análise do peso nas diferentes fases do crescimento**

O modelo utilizado para a estimativa do mérito genético para as características de peso foi o seguinte:

$$\begin{array}{ccccccc} \text{Peso ao} & & & & & & \\ \text{nascimento,} & & & & & & \\ \text{aos 200 e 400} & = & \text{Efeitos} & + & \text{Valor} & + & \text{Valor} & + & \text{Efeito} & + & \\ \text{dias} & & \text{fixos} & & \text{Genético} & & \text{Genético} & & \text{Ambiental} & & \text{Erro} \\ & & & & \text{Direto} & & \text{Materno} & & \text{Permanente} & & \end{array}$$

Em que os efeitos fixos considerados foram:

- Ano de nascimento
- Mês de nascimento
- Sexo
- Idade da mãe ao parto (covariável quadrática)

#### **2.2.1.2. Análise do perímetro escrotal**

O modelo considerado para a estimativa do mérito genético do perímetro escrotal foi o seguinte:

$$\begin{array}{ccccccc} \text{Perímetro} & & & & & & \\ \text{Escrotal} & = & \text{Efeitos} & + & \text{Valor Genético} & + & \text{Erro} \\ & & \text{fixos} & & \text{Direto} & & \end{array}$$

Em que os efeitos fixos considerados foram:

- Ano de nascimento
- Mês de nascimento
- Sexo
- Idade da mãe ao parto (covariável)

### **3. Resultados**

#### **3.1. Análise dos valores estimados pelo *Breedplan***

Existem várias metodologias estatísticas que permitem explicar ou descrever a relação entre uma variável de interesse, ou variável dependente (variável resposta) e outra ou outras variáveis (variáveis explicativas). O modelo linear é talvez o mais utilizado para modelar esta relação. Este modelo pode assumir que o valor esperado da variável resposta é uma combinação linear das variáveis explicativas e que a variável resposta deve ser uma distribuição Normal.

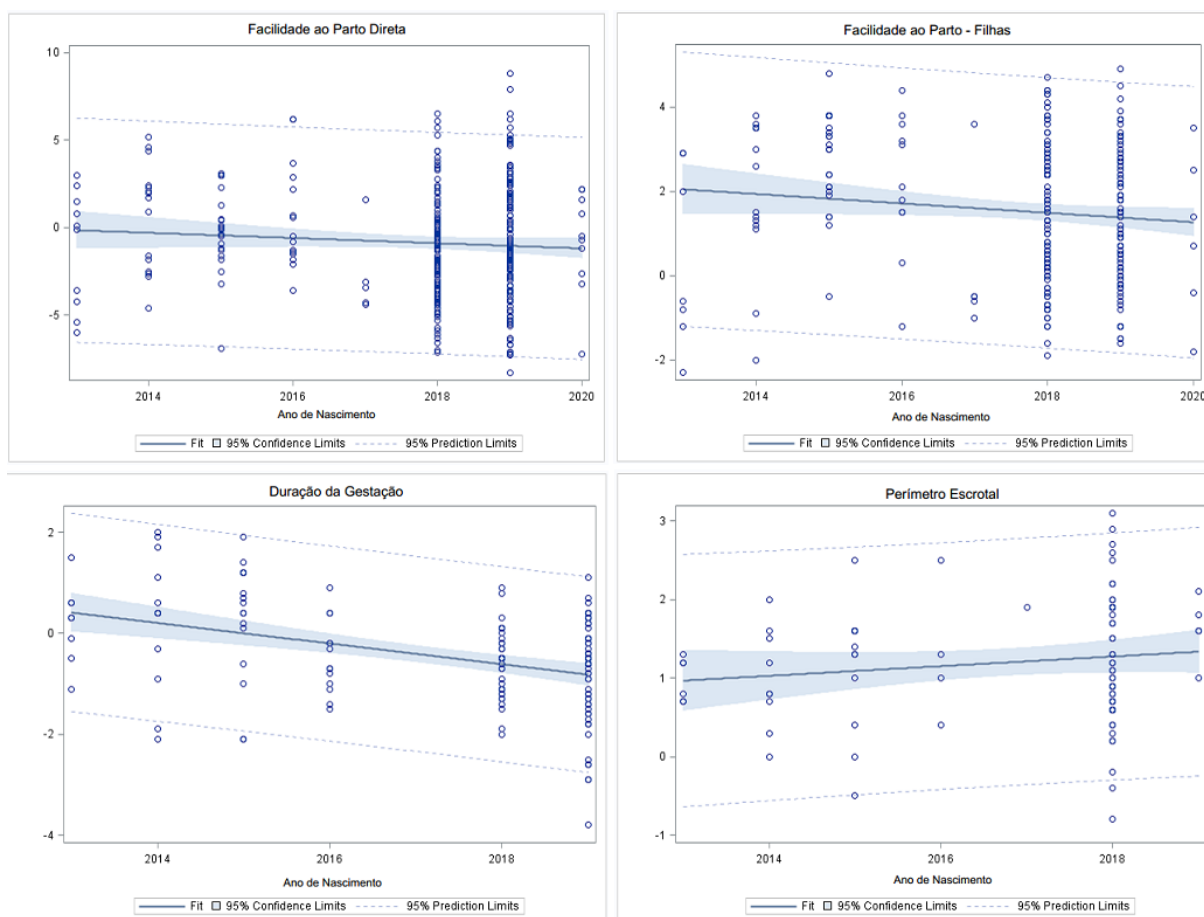
Os resultados da análise de regressão das características de fertilidade, do crescimento e da carcaça apresentam-se nas Tabelas 8, 9, 10, 11 e 12 e nas Figuras 8, 9, 10, 11 e 12.

### 3.1.1. Características de Fertilidade

**Tabela 8. Regressão do valor genético no ano de nascimento para as características de fertilidade.**

Variável	R <sup>2</sup>	Interseção	Coef. regressão	p
<b>Facilidade ao parto – direta (%)</b>	0,005	298,538	-0,148	0,162
<b>Facilidade ao parto materna (%)</b>	0,013	227,21	-0,112	0,061
<b>Duração da Gestação (d)</b>	0,155	413,7	-0,205	<0,0001
<b>Perímetro Escrotal (cm)</b>	0,021	-122,89	0,062	0,188

**Figura 8. Regressão das características de fertilidade no ano de nascimento.**



O EBV da facilidade ao parto direta, definido na página 23, não apresenta uma relação linear com o ano de nascimento ( $p > 0,05$ ). Porém, quanto à característica de facilidade ao parto materna (definida na página 23), existe uma tendência linear ( $p = 0,062$ ), com uma tendência para a redução da facilidade do parto ao longo do tempo. O coeficiente de

determinação, que indica a relação de dependência das variáveis, é superior no EBV de facilidade das filhas (1,3%), sendo esta variação da facilidade de parto das filhas explicada pela variação do ano de nascimento, o que, ainda assim, revela-se ser baixa. O coeficiente de regressão das duas variáveis é negativo, existindo na facilidade de parto materna uma menor diminuição do que na facilidade ao parto direta. Estes resultados das características de facilidade ao parto, podem explicar-se pela evolução verificada nas características de peso: ao existir um aumento nos valores de EBVs de peso, existirá consequentemente uma diminuição na facilidade ao parto. Este efeito verifica-se antes na facilidade ao parto direta, existindo uma maior diminuição na mesma. A literatura refere que a facilidade ao parto direta e a facilidade ao parto materna apresentam uma ligeira correlação negativa entre si, isto é, têm uma relação antagónica (Rolf 2015). Assim, a facilidade ao parto direta deve ser utilizada como critério de seleção quando são selecionados touros para cobrirem novilhas, e a facilidade ao parto das filhas deve ser preferida quando são selecionados touros para produzir fêmeas de reposição (Rolf 2015).

O EBV de duração da gestação (definido na página 23) apresenta resultados significativos ( $p < 0,05$ ), indicando existir uma relação linear negativa entre a duração da gestação e o ano de nascimento, o que foi apoiado pelo coeficiente de determinação (15,5%), que indica que esta percentagem da variação da duração da gestação se deve à variação do ano de nascimento. Além disso, o coeficiente de regressão de -0,205, indica-nos que por cada ano de nascimento houve uma diminuição em média de 0,21 dias no EBV da duração da gestação. Os resultados nesta característica são favoráveis, visto que, ao existir uma diminuição na duração da gestação, pode existir uma recuperação mais rápida das fêmeas após o parto, que podem ficar gestantes mais precocemente (Chud et al. 2014).

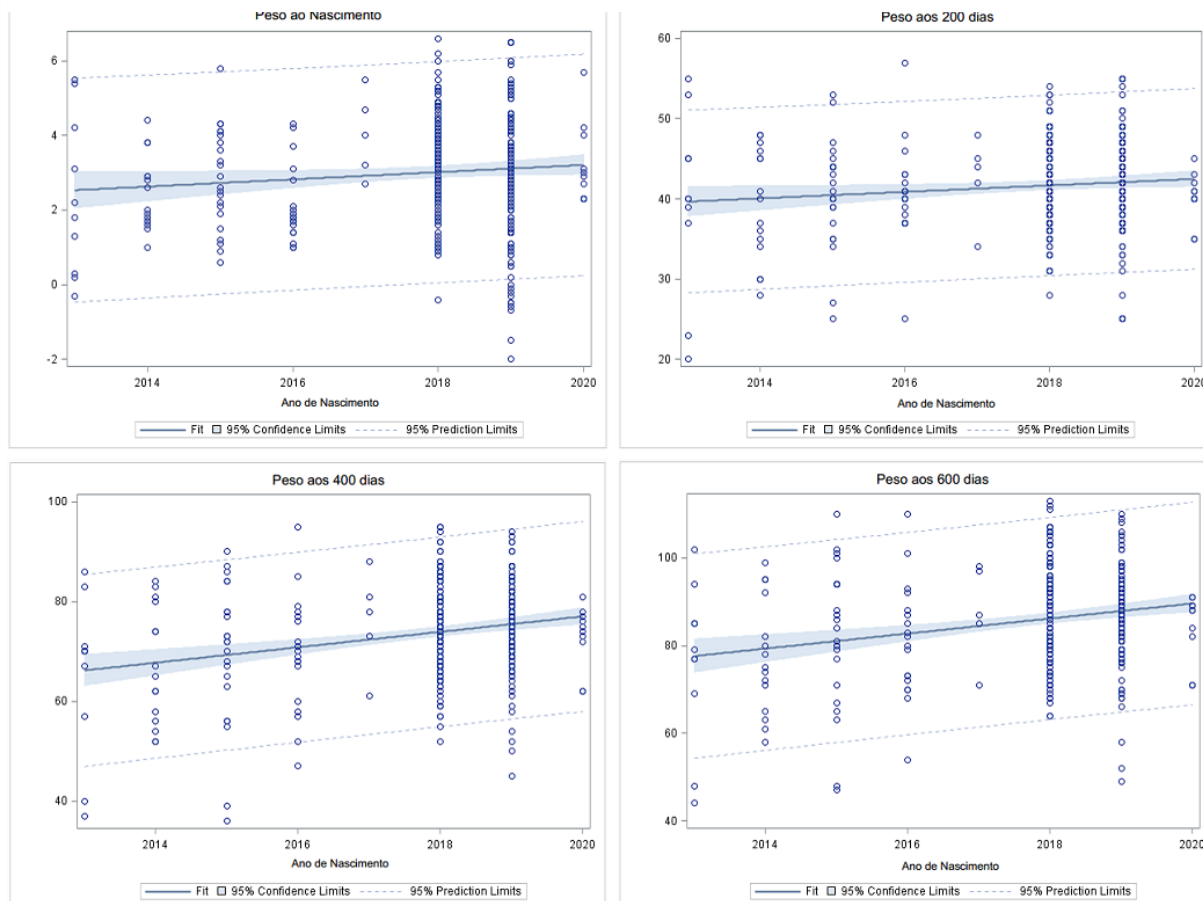
O EBV do Perímetro Escrotal (definido na página 23), revela resultados não significativos ( $p > 0,05$ ), existindo um coeficiente de determinação de apenas 2,1%. Existe, porém, um coeficiente de regressão positivo (0,062), que nos indica que, apesar desta evolução linear não ser significativa, existe um aumento em média de 0,062 cm no EBV do perímetro escrotal por cada ano de nascimento.

### 3.1.2. Características de Peso

Variável	R <sup>2</sup>	Intercept	Coef. regressão	p
<b>Peso ao Nascimento (Kg)</b>	0,011	-192,35	0,097	0,051
<b>Peso aos 200 dias (Kg)</b>	0,013	-770,70	0,402	0,033
<b>Peso aos 400 dias (Kg)</b>	0,065	-3046,51	1,546	<0,0001
<b>Peso aos 600 dias (Kg)</b>	0,055	-3374,12	1,715	<0,0001

**Tabela 9. Regressão do valor genético no ano de nascimento para as características de peso.**

**Figura 9. Regressão das características de peso no ano de nascimento.**



Os resultados agora obtidos do EBV do peso ao nascimento (definido na página 24), aproximam-se da significância ( $p>0,05$ ), ou seja, existe uma tendência para o aumento, para todas as características de peso. O coeficiente de determinação é de apenas 1,1. Por outro lado, o coeficiente de regressão é de 0,097, o que nos indica que por cada ano de nascimento existe, em média, um aumento de 0,097 kg no EBV do peso ao nascimento.

O EBV do peso aos 200 dias (definido na página 24), corresponde ao período do desmame. Este peso é particularmente importante por ser uma altura decisiva na vida do animal e do seu crescimento, e também por existir uma grande influência materna nesta fase, o que dá origem à estimativa do EBV da produção leiteira.

Os resultados obtidos indicam que existe uma regressão linear positiva nesta característica ( $p<0,05$ ), sendo o coeficiente de determinação de apenas 1,3%. O coeficiente de regressão foi de 0,402, podendo concluir-se que, por cada ano de nascimento, existe um

aumento, em média, de 0,402 kg no EBV do peso aos 200 dias, isto é, em 10 anos de seleção para esta característica, os animais irão aumentar em 4,02kg os valores de EBV para o peso ao desmame.

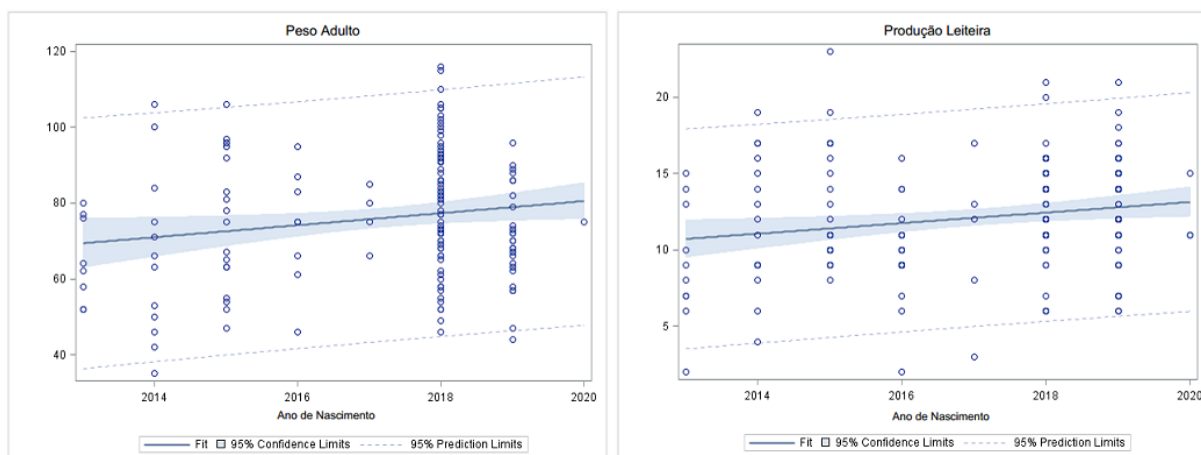
O EBV do peso aos 400 dias (definido na página 25) regista resultados indicando que existe uma relação linear positiva entre o valor de EBV e o ano de nascimento ( $P < 0,0001$ ). O coeficiente de determinação, o mais elevado nas características de peso, foi de 6,5% o que nos indica que apenas esta percentagem das diferenças entre valores de EBVs é explicada pelo ano de nascimento. Por outro lado, o coeficiente de regressão foi de 1,546, o que significa que por cada ano de nascimento existe um aumento, em média, de 1,546 kg no valor de EBV do peso aos 400 dias, isto é, em 10 anos de seleção, estes animais aumentarão os valores de EBV para esta característica em 15,46 kg, sendo um resultado muito positivo.

Os resultados do EBV do peso aos 600 dias (definido na página 25) revelam que existe uma relação linear entre o peso aos 600 dias e o ano de nascimento ( $p < 0,0001$ ), com um coeficiente de determinação de 5,5%. O coeficiente de regressão foi de 1,715 kg/ano, podendo concluir-se que, por cada ano de nascimento, existe em média, um aumento de 1,715 no valor de EBV do peso aos 600 dias que, em 10 anos de seleção, resultará num aumento de 17,15 kg nos valores de EBV dos animais do efetivo. É importante referir que, quando comparado com o peso em outras idades, o peso aos 600 dias não é comumente medido, pelo que existe pouca informação disponível para o poder comparar e descrever.

**Tabela 10. Regressão do valor genético no ano de nascimento para as características de crescimento.**

Variável	R <sup>2</sup>	Interseção	Coef. regressão	p
<b>Peso adulto (Kg)</b>	0,03	-3129,11	1,589	0,03
<b>Produção Leiteira (Kg)</b>	0,034	-684,55	0,345	0,014

**Figura 10. Regressão das características de crescimento no ano de nascimento.**



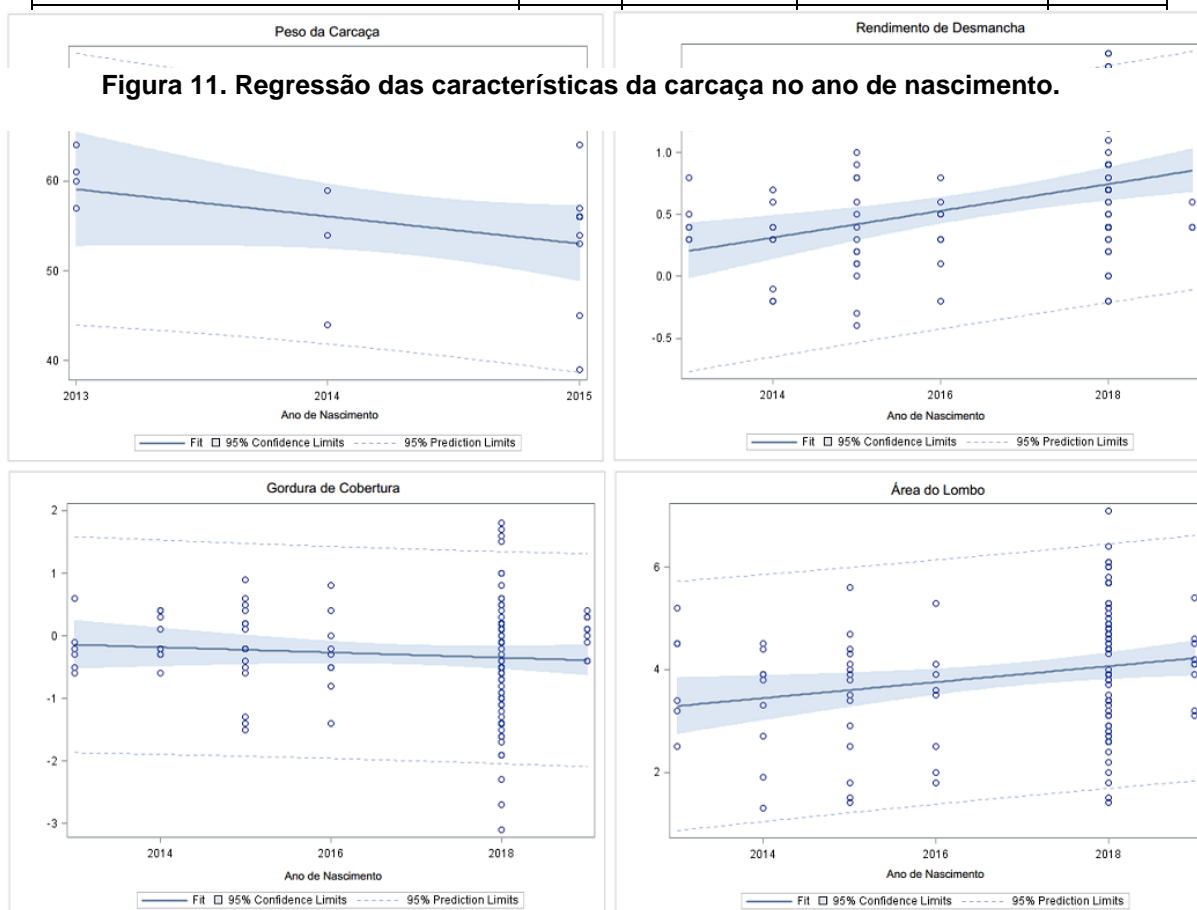
Os resultados EBV do peso adulto (definido na página 25) revelaram-se significativos ( $p < 0,05$ ), traduzindo uma relação linear significativa com o ano de nascimento, esperada, visto que os pesos aos 200, 400 e 600 dias, também registaram um aumento significativo. O coeficiente de determinação foi de 3,0%. O coeficiente de regressão foi de 1,589, significando que por cada ano de nascimento existe, em média, um aumento de 1,589 kg no EBV do peso adulto, o que implica num aumento de 15,89 kg, em 10 anos de seleção.

O EBV da produção leiteira (descrito na página 24) apresenta resultados significativos ( $p < 0,05$ ), indicando que existe uma relação linear entre o ano de nascimento e esta característica, o que demonstra que tanto o efeito direto como o materno para o peso aos 200 dias melhoraram no efetivo Aberdeen Angus estudado. Os resultados indicam que, ao longo do período considerado, o EBV da produção leiteira aumentou, em média, 0,345 kg por ano.

### 3.1.3. Características de Carcaça

**Tabela 11. Regressão do valor genético no ano de nascimento para as características da carcaça.**

Variável	R <sup>2</sup>	Interseção	Coef. regressão	p
Peso da Carcaça (Kg)	0,149	6157,89	-3,03	0,127
Rendimento de Desmancha (%)	0,150	-217,58	0,108	0,0003
Gordura de Cobertura (mm)	0,007	83,61	-0,041	0,361





No EBV do peso da carcaça (descrito na página 26) encontram-se resultados não significativos ( $p>0,05$ ), não existindo uma relação linear entre o peso da carcaça e o ano de nascimento. Porém, é evidente uma evolução negativa, existindo um coeficiente de regressão de -3,03, o que explica que há, em média, uma redução de 3,03 kg no valor de EBV do peso da carcaça ao ano.

O EBV do rendimento de desmancha (definido na página 26) apresenta um resultado positivo e significativo ( $p<0,05$ ), isto é, verificou-se existir uma relação linear entre o EBV do rendimento de desmancha e o ano de nascimento. Para além disto, o coeficiente de determinação foi de 15%. Tendo sido o coeficiente de regressão de 0,108, indica-nos que por cada ano de nascimento houve, em média, um aumento de 0,108 % nos valores de EBV do rendimento de desmancha nos animais da exploração.

Os resultados obtidos no EBV de gordura de cobertura (definido na página 26), não foram significativos ( $p>0,05$ ) e o coeficiente de determinação foi de apenas 0,7%. Por outro lado, o coeficiente de regressão foi de -0,041, o que indica uma ligeira evolução negativa.

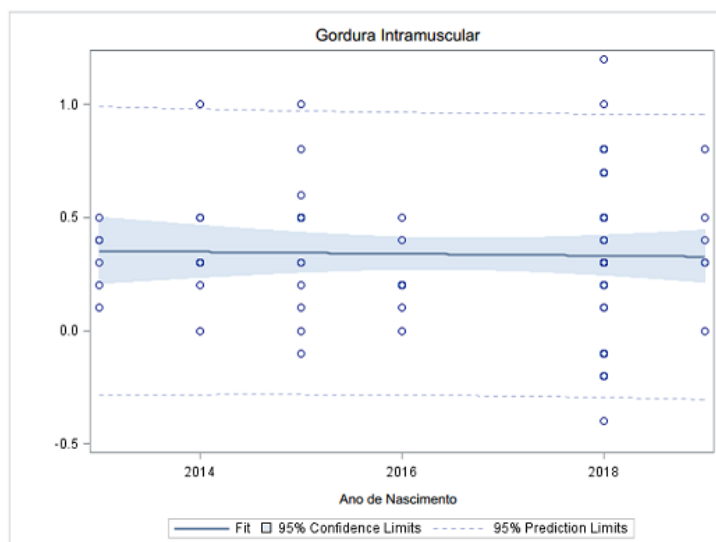
Por outro lado, o EBV da Área do *Longissimus dorsi* (definido na página 26) apresenta resultados (Tabela 11) significativos ( $p<0,05$ ), existindo uma relação linear entre o ano de nascimento e o EBV da área do *Longissimus dorsi*. O coeficiente de determinação foi de 5%, e o coeficiente de regressão de 0,156. Assim sendo, espera-se obter um aumento por ano de 0,156 cm<sup>2</sup> em média, nos valores de EBV da área do *Longissimus dorsi*.

**Tabela 12. Regressão do valor genético da gordura intramuscular no ano de nascimento.**

Variável	R <sup>2</sup>	Interseção	Coef. regressão	<i>p</i>
<b>Gordura Intramuscular (%)</b>	0,0006	8,84	-0,004	0,822

**Figura 12. Regressão do valor de mérito genético de gordura intramuscular no ano de nascimento.**

Finalmente, a Tabela 12 e Figura 12 mostra os resultados para o EBV da Gordura Intramuscular (definido na página 27). Conclui-se que não existe uma relação linear entre o EBV da Gordura Intramuscular e o ano de nascimento ( $p>0,05$ ). Para além disso, o coeficiente



de determinação foi de 0,6%, o que acentua a independência das duas variáveis. O coeficiente de regressão foi de -0,004, o que revela que geneticamente, os animais desta exploração têm tido um ligeiro decréscimo na percentagem de gordura intramuscular, ao longo do tempo.

### 3.2. Análise intra-exploração

Nesta secção, são apresentados os resultados obtidos a partir de uma análise intra-exploração, através da qual foram calculados os parâmetros genéticos, os valores de mérito genético e, posteriormente, obtida uma análise de regressão linear, de forma a verificar as tendências genéticas.

#### 3.2.1. Parâmetros Genéticos e de Consanguinidade

Sabe-se que os valores de heritabilidade materna tendem a ser superiores aos da heritabilidade de efeitos directos nos animais mais jovens, mas a diferença vai diminuindo à medida que eles crescem. Por outro lado, existe uma correlação negativa entre os efeitos genéticos directos e maternos, que deve ser levada em conta quando se pratica selecção.

Para a característica de perímetro escrotal não se considera existir influência materna, pelo que o efeito genético materno foi considerado nulo.

Os parâmetros genéticos obtidos no presente trabalho, através do MTDFREML, são apresentados na Tabela 13.

**Tabela 13. Valores estimados da variância fenotípica ( $\sigma^2_p$ ), da variância dos efeitos genéticos diretos ( $\sigma^2_a$ ), dos efeitos genéticos maternos ( $\sigma^2_m$ ), da correlação entre os efeitos genéticos diretos e maternos ( $\sigma_{am}$ ), do efeito ambiental permanente da vaca ( $c^2$ ), do efeito residual ( $\sigma^2_e$ ), a heritabilidade direta ( $h^2_a$ ), a heritabilidade materna ( $h^2_m$ ) e a correlação entre a heritabilidade direta e materna ( $r_{am}$ ).**

<b>Característica</b>	<b><math>\sigma^2_p</math></b>	<b><math>\sigma^2_a</math></b>	<b><math>\sigma^2_m</math></b>	<b><math>\sigma_{am}</math></b>	<b><math>\sigma^2_e</math></b>	<b><math>c^2</math></b>	<b><math>h^2_a</math></b>	<b><math>h^2_m</math></b>	<b><math>r_{am}</math></b>
<b>Peso ao Nascimento</b>	20,01	7,84	4,56	-4,31	11,92	0,000009	0,39	0,23	-0,72
<b>Peso aos 200 dias</b>	1080,18	196,21	186,3	84,78	612,87	0,000002	0,18	0,17	0,44
<b>Peso aos 400 dias</b>	2889	440,62	826,53	-333,71	1955,56	0,000002	0,15	0,29	-0,55
<b>Perímetro Escrotal</b>	10,11	4,9			5,21		0,48		

As variâncias dos efeitos genéticos diretos são superiores às variâncias dos efeitos genéticos maternos para as características de peso ao nascimento e peso aos 200 dias, porém, para a características de peso aos 400 dias observa-se uma variância dos efeitos genéticos maternos superior. Por outro lado, observa-se, para as características de peso ao nascimento e aos 400 dias, uma covariância negativa entre os efeitos genéticos diretos e efeitos genéticos maternos. O mesmo não se verifica para a característica de peso aos 200 dias.

De acordo com a Tabela 13, os valores para a heritabilidade de efeitos diretos para a característica do peso ao nascimento foram os mais elevados de todas as características (0,39), o que não seria de se esperar, visto ser na fase do crescimento onde é esperada uma maior influência materna. As características de peso aos 200 dias e aos 400 dias apresentam valores de heritabilidade de efeitos diretos aproximadas, de 0,18 e 0,15, respetivamente. Por outro lado, a heritabilidade de efeitos maternos foi mais elevada para a característica de peso aos 400 dias (0,29), e mais baixa para a característica de peso aos 200 dias (0,17). A correlação entre a heritabilidade de efeitos diretos e efeitos maternos é negativa para as características de peso ao nascimento e peso aos 400 dias, porém, para a característica de peso aos 200 dias apresenta-se positiva.

Os efeitos ambientais permanentes foram muito reduzidos em todas as características, sendo negligenciáveis na presente análise.

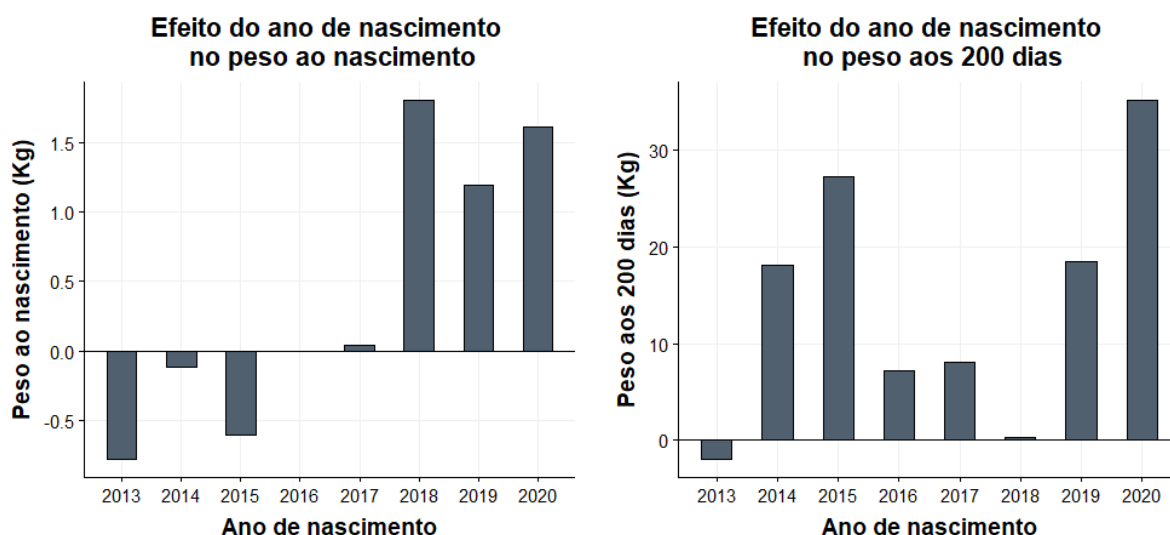
A consanguinidade da população foi analisada com recurso ao software CFC, que foi também utilizado para recodificar a identificação dos animais. Na base de dados analisada, que incluiu 1.163 animais com pais conhecidos num total de 1.686 animais no ficheiro das genealogias, havia 36 animais consanguíneos. A consanguinidade média foi de 0,25% para a totalidade dos animais e de 11,63%, para os animais consanguíneos, o que representa um

valor relativamente baixo, facto não surpreendente dado tratar-se de uma exploração relativamente recente, e que utiliza genética bastante diversificada.

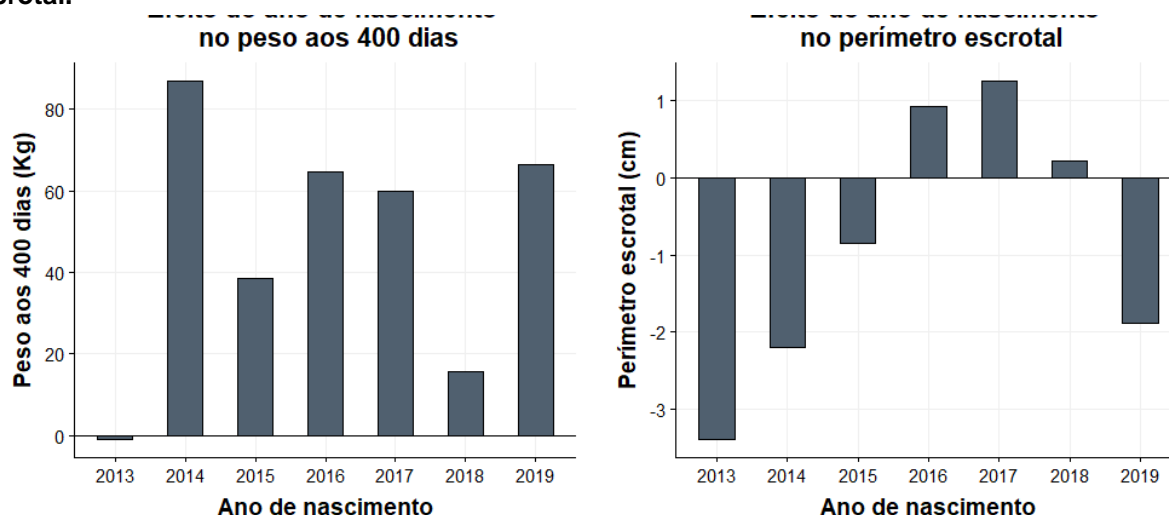
### 3.2.2. Efeitos Fixos

Os efeitos fixos num modelo misto são estimados pelo método dos quadrados mínimos generalizados e os resultados são obtidos considerando-se a estrutura dos efeitos aleatórios incluídos no modelo. A partir do vetor de soluções obtêm-se as médias marginais para cada um dos efeitos fixos, ajustadas para os efeitos dos fatores aleatórios.

**Figura 14.** Efeito ambiental do ano de nascimento no peso ao nascimento e no peso aos 200 dias.

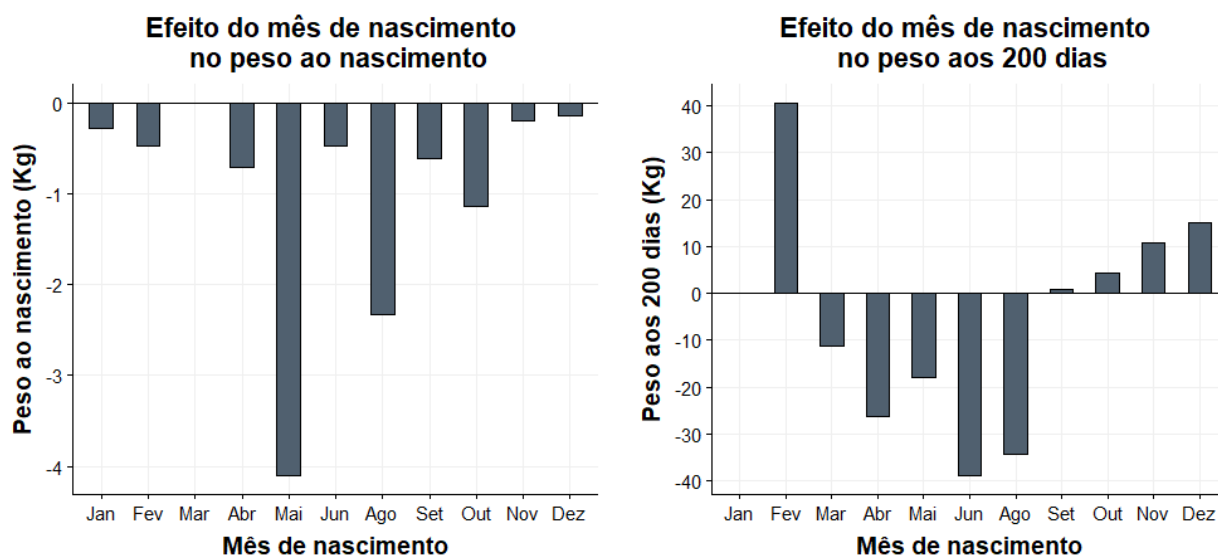


**Figura 13.** Efeito ambiental do ano de nascimento no peso aos 400 dias e no perímetro escrotal.

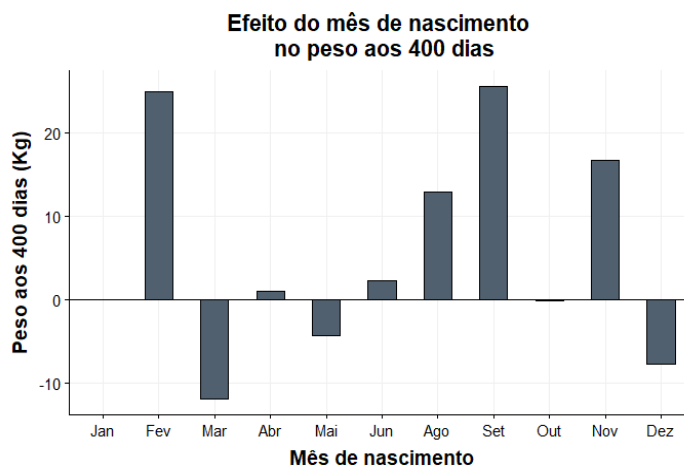


As Figuras 13 e 14 ilustram o efeito do ano de nascimento no peso ao nascimento, aos 200 e 400 dias e no perímetro escrotal. Para o peso ao nascimento, o ano de 2018 foi aquele em que se atingiu o valor mais elevado (1,81), sendo superior em 2,59 kg ao ano de 2013 (-0,78). Já para o peso aos 200 dias, o ano mais positivo foi o de 2020 (35,21), que foi em média 37,13 kg superior a 2013, que foi o pior ano nesta característica. Quanto ao peso aos 400 dias, o ano mais positivo foi o de 2014 (87), que foi, em média, 87,86 kg superior ao de 2013 (-0,86), que se revela o pior ano. Para a característica do perímetro escrotal, o ano mais positivo foi o de 2017 (1,25), que foi, em média, 4,63 cm superior ao ano de 2013 (-3,38), possivelmente devido a que no ano de 2017 tenha existido uma alteração no técnico de medição.

**Figura 15. Efeito ambiental do mês de nascimento no peso ao nascimento e aos 200 dias.**

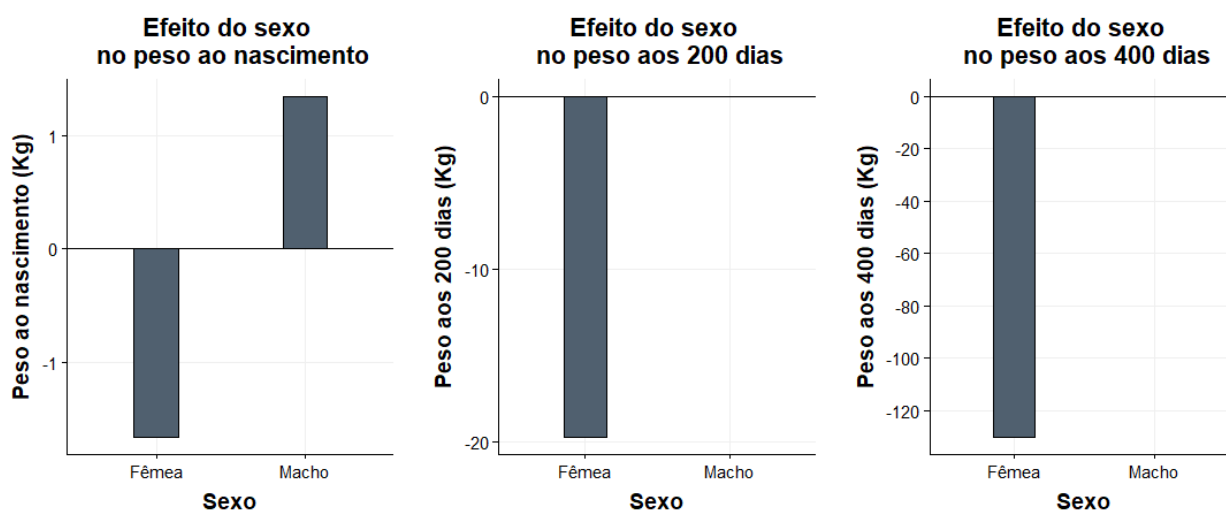


**Figura 16. Efeito do mês de nascimento no peso aos 400 dias.**

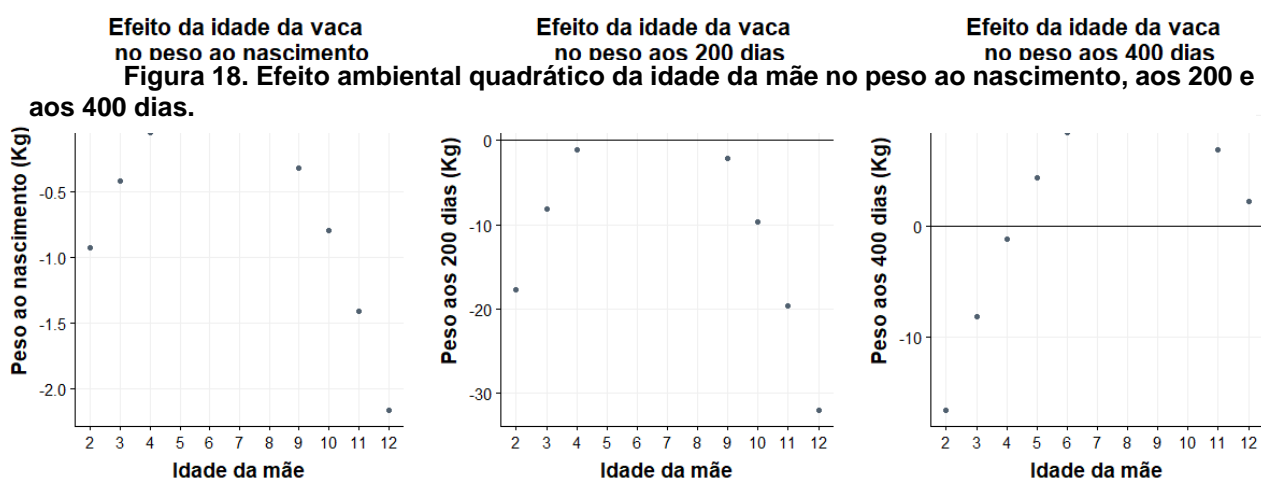


As Figuras 15 e 16 ilustram o efeito do mês de nascimento no peso nas diferentes fases de crescimento. As diferenças registadas podem dever-se às variações climáticas ao longo do ano. É de referir que não houve nascimentos no mês de julho e este mês foi excluído da análise. Para o peso ao nascimento, o mês de março foi o mês mais positivo e também o mês padrão (registando o maior número de nascimentos), sendo superior, em média 4,10 Kg ao mês de maio, o pior mês do ano nesta categoria. Para o peso aos 200 dias, o melhor mês, em média, foi o de fevereiro (40,64), que foi 79,48 kg superior ao mês de junho (-38,84). Para o peso aos 400 dias, em que o mês de janeiro foi o mês padrão (com maior número de nascimentos), o mês mais positivo foi o mês de setembro (25,67), que foi, em média, 37,57 Kg superior ao mês de março (-11,90), o pior mês na categoria.

**Figura 17. Efeito ambiental do sexo no peso ao nascimento, aos 200 e aos 400 dias**



Por outro lado, a Figura 17 ilustra o efeito do sexo nos pesos nas diferentes fases e torna evidente que os machos são mais pesados, em todas as fases do crescimento. No peso



ao nascimento, obteve-se uma diferença de 3,01 kg entre machos e fêmeas. Essa diferença aos 200 dias foi de 19,73 kg, e, aos 400 dias, de 129,96 kg.

Por último, a Figura 18 ilustra o efeito quadrático que a idade da mãe tem no peso dos vitelos nas diferentes fases do crescimento, sendo que os de novilhas e vacas mais velhas, revelaram pesos inferiores. Para o peso ao nascimento, existe um efeito positivo, apenas quando a mãe tem entre 5 e 8 anos de idade, o que também ocorre com o peso aos 200 dias. Para o peso aos 600 dias, este intervalo é maior, dos 5 aos 12 anos. Os melhores resultados registaram-se com as vacas de 6 anos, para o peso ao nascimento e aos 200 dias e, de 8 anos, para o peso aos 400 dias.

As soluções para o efeito linear da idade da mãe ao parto foram de 0,27, 5,53 e 5,99 kg para o peso ao nascimento, aos 200 e 400 dias, respetivamente. Para o perímetro escrotal, ao ser considerado não existir efeito materno, o efeito linear da idade do touro foi 0,03 cm, isto é, considera-se que por cada ano de aumento na idade do touro existe um aumento de 0,03 cm.

### **3.2.3. Valores de mérito genético estimados**

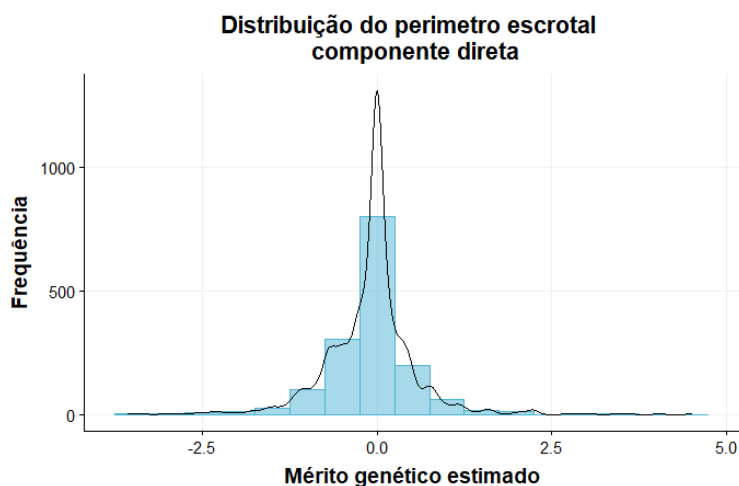
De forma a analisar os valores de mérito genético estimados deve ser tida em linha de conta que a escolha de um animal depende do sistema de exploração escolhido. No caso de se utilizarem os machos para cruzamento terminal, a seleção dever-se-á basear nos valores de mérito genético diretos. Porém, quando é utilizada uma raça e uma linha materna, devem ser utilizados os valores genéticos diretos e maternos (Gama et al. 2004)

A seguir, serão analisados os valores de mérito genético estimados por característica: perímetro escrotal, peso ao nascimento, peso aos 200 dias e peso aos 400 dias.

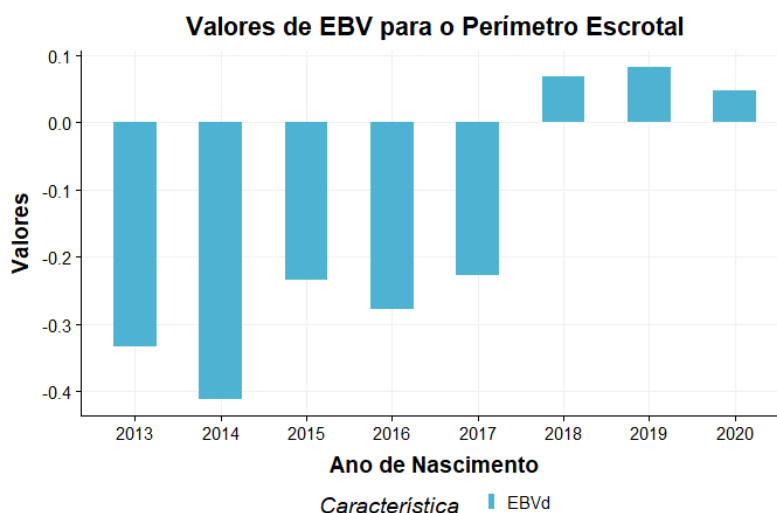
#### **3.2.3.1. Perímetro Escrotal**

Na Figura 19, pode observar-se a distribuição dos valores de mérito genético direto. Na Figura 20 está ilustrada a evolução ao longo do tempo dos valores de mérito genético direto estimados. Observa-se que, apenas a partir do ano de 2018 os valores de mérito genético estimados apresentam-se positivos.

**Figura 19. Distribuição dos valores de mérito genético direto estimados para o perímetro escrotal.**



**Figura 20. Evolução ao longo do tempo dos valores de mérito genético direto estimados para o perímetro escrotal.**



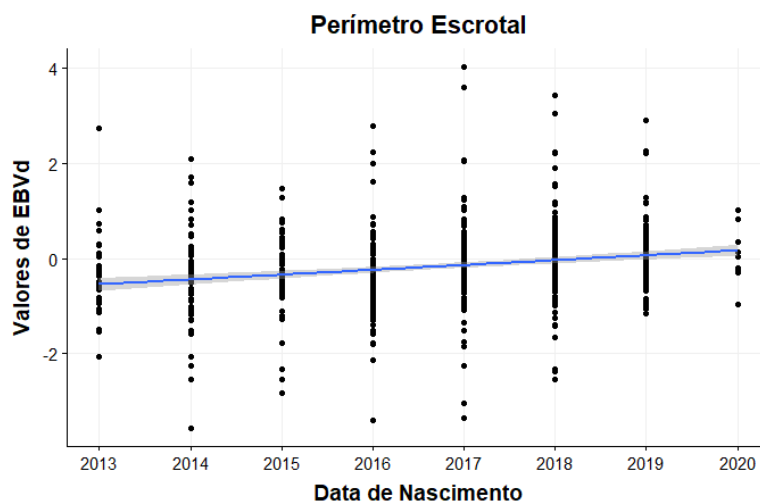
Foi feita uma análise de regressão, que revelou que as variáveis tinham uma relação linear ( $p < 0,001$ ), verificando-se existir um aumento de 0,51 cm nos valores de EBV por ano. Trata-se, portanto, de um resultado positivo. Os resultados da análise apresentam-se na Tabela 14 e na Figura 21.



**Tabela 14. Análise de regressão dos valores de mérito genético direto estimados no ano de nascimento.**

Perímetro Escrotal	R <sup>2</sup> (aj.)	Intercept	Coef. regressão	p
EBVd	0,051	0,002	0,51	<0,001

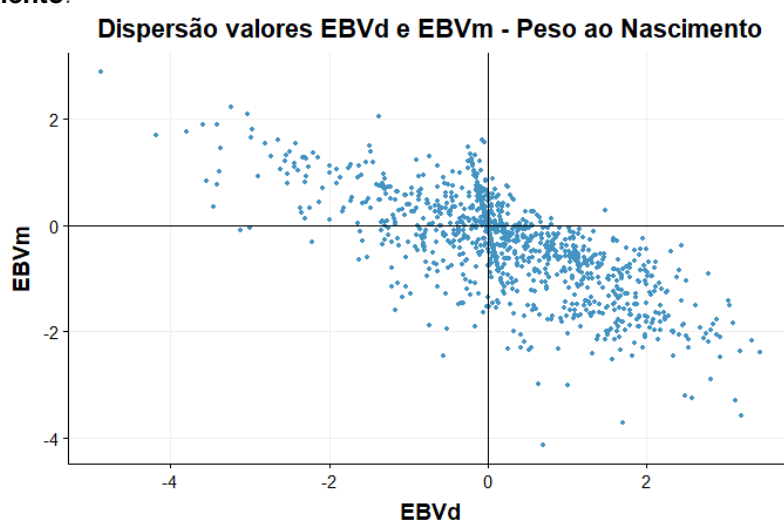
**Figura 21. Regressão dos valores de mérito genético direto estimados para o perímetro escrotal no ano de nascimento.**



Ao comparar a presente análise com a dos valores calculados pelo *Breedplan*, os quais não apresentaram resultados estatisticamente significativos, verifica-se um aumento nos valores de mérito genético de 0,51 cm, em média, por ano de nascimento. Para além disto, verifica-se que após 7 anos de seleção existiu um aumento de 3,57 cm nos mesmos valores.

### 3.2.3.2. Peso ao nascimento

**Figura 22. Dispersão dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso ao nascimento.**

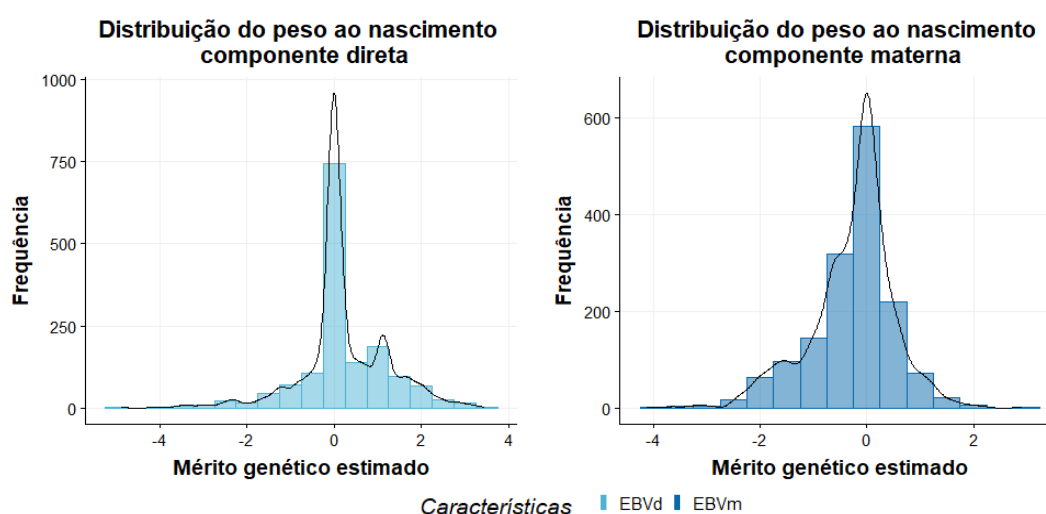


A Figura 22, onde podemos observar a dispersão dos valores de EBV diretos e maternos para o peso ao nascimento, evidência que os animais se encontram no quadrante superior direito têm valores de EBV direto e materno positivos. Mostra-se, então que é menos

comum existirem animais no quadrante superior direito, do que no quadrante inferior direito, que possuem valores de EBVs diretos positivos e maternos negativos. O mesmo acontece no quadrante superior esquerdo, que representa os animais com valores de EBV diretos negativos e maternos positivos. Verifica-se que os melhores e os piores indivíduos, de certa forma, se anulam, considerando a regra geral que os animais com os valores diretos mais elevados, têm normalmente valores maternos mais baixos, e vice-versa.

A Figura 23 ilustra a distribuição, que é considerada normal, para os valores de mérito genético estimados para o peso ao nascimento.

**Figura 24. Variação ao longo do tempo dos valores de mérito genético direto e materno, estimados para o peso ao nascimento.**



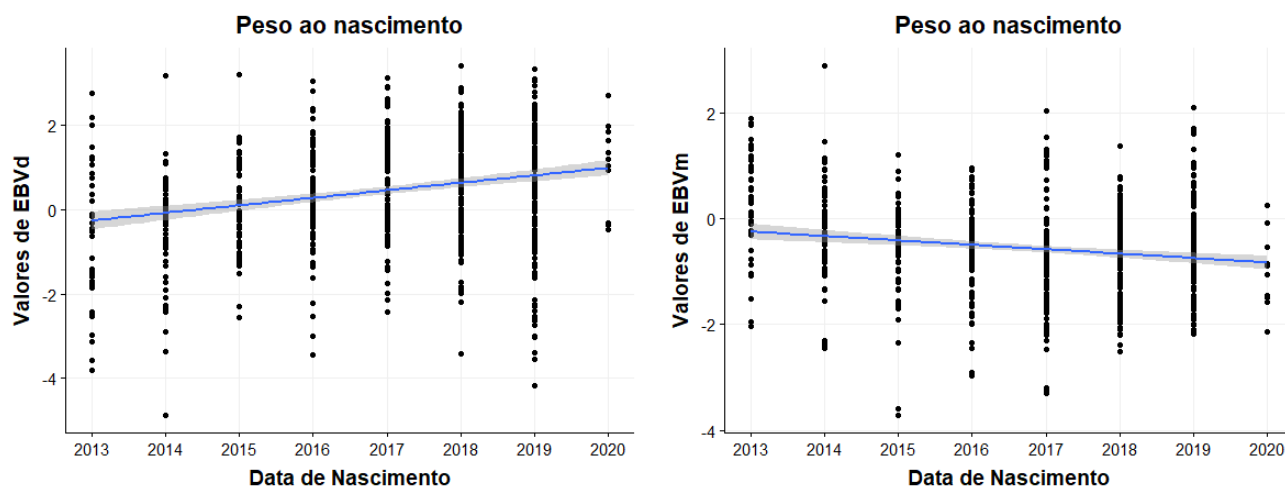
A variação dos valores de mérito genético por ano para o peso ao nascimento é apresentada na Figura 24. Pode verificar-se que os valores da componente direta foram aumentando ao longo dos anos e, simultaneamente, diminuiram os da materna.

Em seguida, foi realizada uma análise de regressão linear entre os valores de EBVs diretos e maternos e o ano de nascimento dos animais, assim como para os valores estimados pelo *Breedplan* e os resultados são apresentados na Tabela 15 e na Figura 25.

**Tabela 15. Análise de regressão dos valores de mérito genético diretos e maternos do peso ao nascimento estimados por ano de nascimento.**

Peso ao Nascimento	R <sup>2</sup> (aj.)	Intercept	Coef. regressão	p
EBVd	0,058	0,002	0,36	<0,001
EBVm	0,039	2016,41	-0,44	<0,001

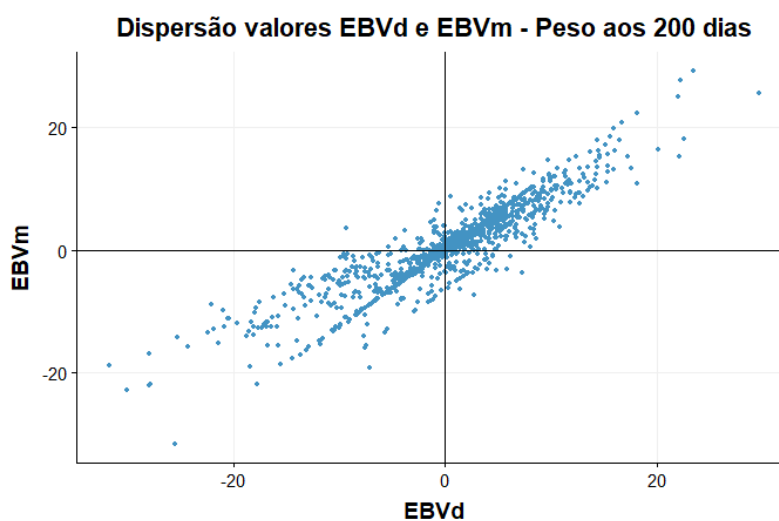
**Figura 25. Regressão dos valores de mérito genético estimados para o peso ao nascimento ao longo dos anos.**



Nesta análise é possível concluir que há uma relação linear entre os valores de EBV diretos e maternos e a data do nascimento ( $p < 0,001$ ). No caso da característica direta, houve um aumento considerável dos valores de mérito genético, de 2013 até ao final do trabalho, de 0,36 kg por ano. Como seria de se esperar, houve uma diminuição estatisticamente significativa dos valores de mérito genético materno, de 0,44. É importante assinalar, como já foi referido anteriormente, que um aumento expressivo do peso ao nascimento não é desejável, dado ter havido sempre, uma preocupação com a facilidade de parto.

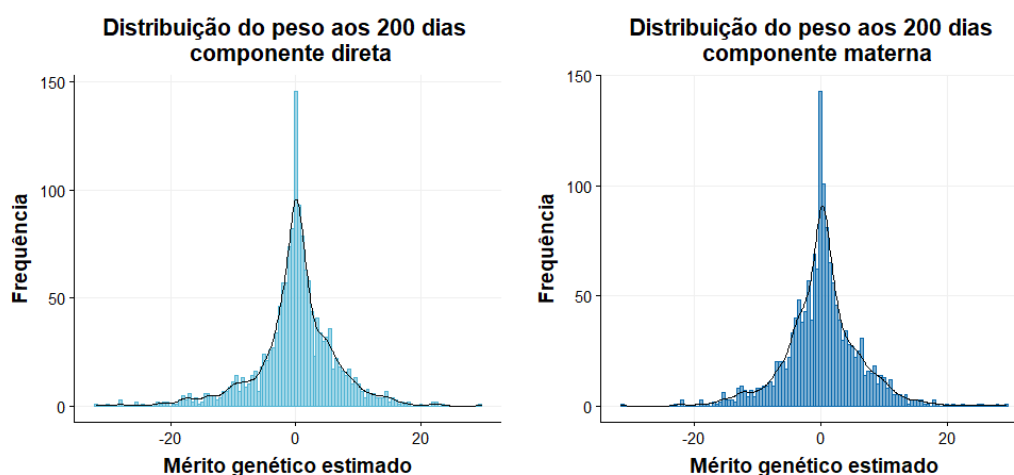
### 3.2.3.3. Peso aos 200 dias

**Figura 26. Dispersão dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 200 dias.**



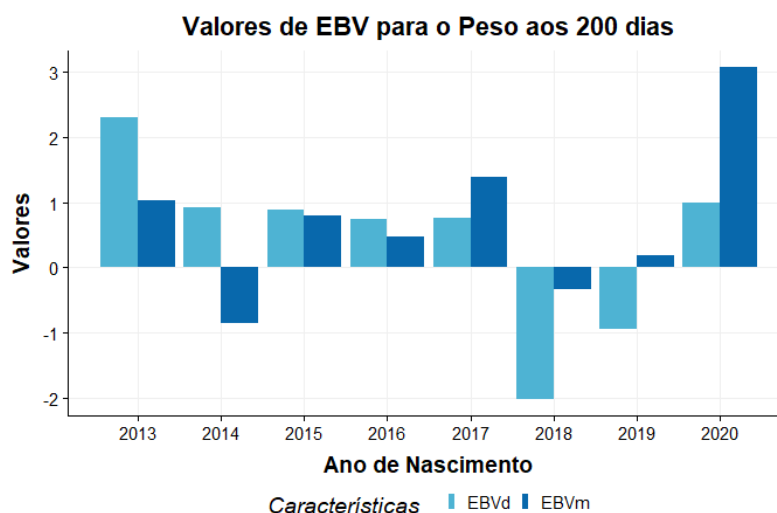
Na Figura 26 observa-se a dispersão dos valores de mérito genético diretos e maternos para o peso aos 200 dias (idade ao desmame). Como anteriormente referido, os animais que devem ser selecionados são os do quadrante superior direito, uma vez que têm EBVs diretos e maternos positivos. Neste caso, existem mais animais neste quadrante do que os encontrados no peso ao nascimento, pois existe uma correlação genética positiva entre os valores genéticos diretos e maternos para o peso aos 200 dias. Na Figura 27 ilustra-se a distribuição desses mesmos valores, considerando-se terem uma distribuição normal.

**Figura 27. Distribuição dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 200 dias.**



A variação dos valores de mérito genético estimados para a característica do peso aos 200 dias, ao longo dos anos, é apresentada na Figura 28. Ao contrário do que acontece nas demais características do peso, registou-se um aumento nos valores de mérito genético maternos e uma diminuição nos dos valores diretos.

**Figura 28. Variação ao longo do tempo dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 200 dias.**

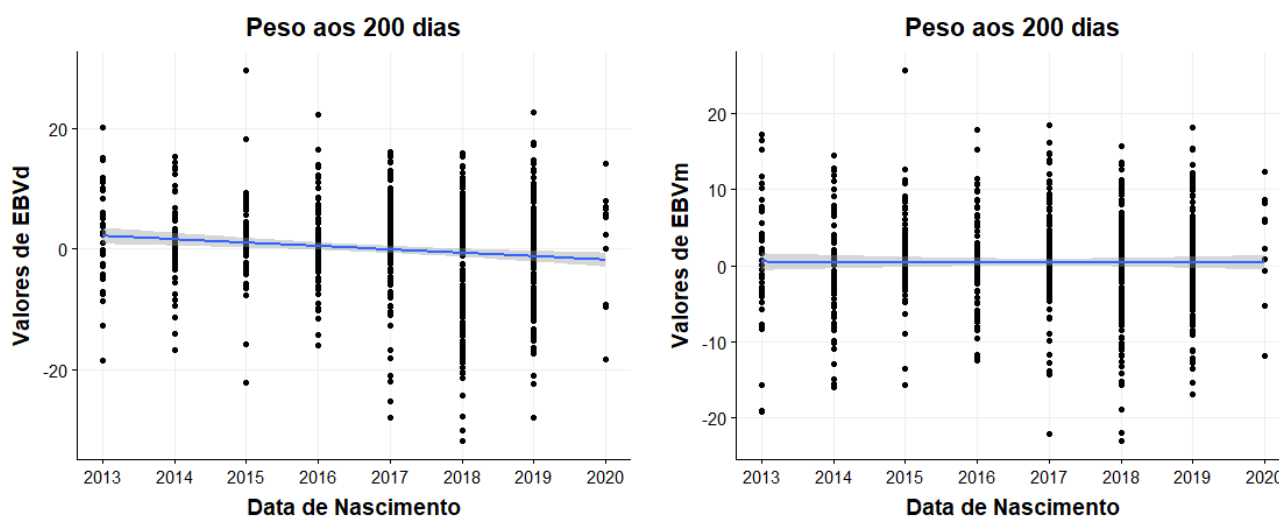


Foi igualmente feita uma análise de regressão e os resultados são apresentados na Tabela 16 e na Figura 29.

**Tabela 16. Análise de regressão dos valores de mérito genético diretos e maternos do peso aos 200 dias estimados por ano de nascimento.**

Peso aos 200 dias	R <sup>2</sup> (aj.)	Intercept	Coef. regressão	<i>p</i>
EBVd	0,015	0,002	-0,029	<0,001
EBVm	-0.001	0,002	-0,0009	0,925

**Figura 29. Regressão dos valores de mérito genético direto e materno estimados para os 200 dias no ano de nascimento.**



Nesta avaliação, os resultados não se consideram satisfatórios. Em primeiro lugar, revelou-se a existência de uma relação linear entre os valores de mérito genético direto e o ano de nascimento ( $p < 0,001$ ). Porém, o coeficiente de regressão foi negativo, significando que houve uma diminuição de 0,029 kg por ano, nos valores de EBV para o peso aos 200 dias. Por outro lado, os resultados dos valores de mérito genético materno não se revelaram significativos ( $p > 0,05$ ), não havendo uma relação linear entre os valores maternos e o ano de nascimento do animal, ainda que o coeficiente de regressão tenha sido ligeiramente negativo. A componente materna equivale à característica de produção leiteira nos dados do *Breedplan*, representando o crescimento do vitelo influenciado pela produção de leite da mãe.

### 3.2.3.4. Peso aos 400 dias

Figura 30. Dispersão dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 400 dias.

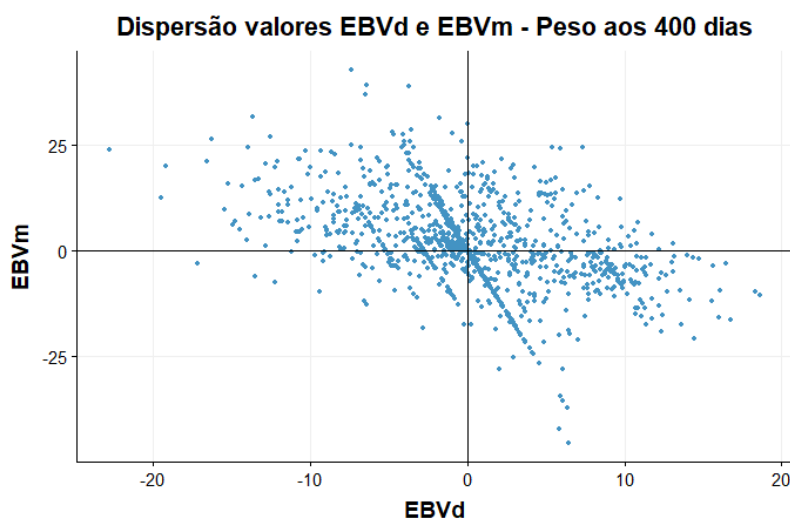
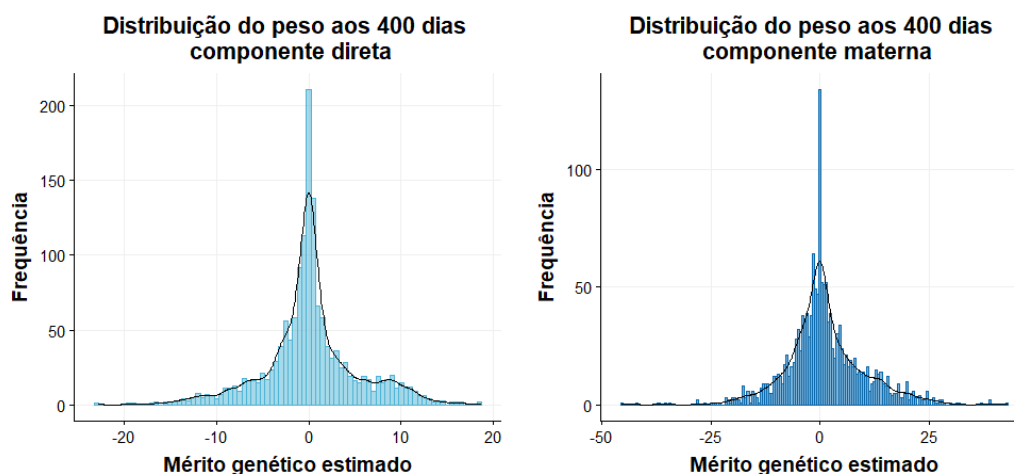
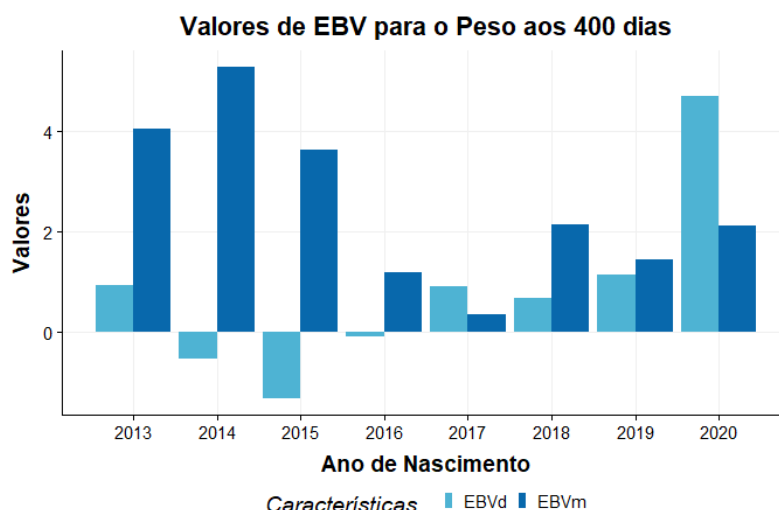


Figura 31. Distribuição dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 400 dias.



A Figura 30 mostra a dispersão dos valores de EBV diretos e maternos para a característica do peso aos 400 dias. Deste modo, parece existir uma maior concentração dos pontos tanto no quadrante superior esquerdo (valores diretos negativos), como no quadrante inferior direito (valores maternos negativos). Para além disto, observa-se que os valores de EBVs maternos atingem um limite superior (25) acima dos valores de EBVs diretos (20), evidenciando uma maior influência da componente materna nesta característica. Porém, foram escassos os dados disponíveis para o estudo desta característica, o que faz com que os resultados obtidos sejam menos credíveis. De igual modo, os animais a serem selecionados serão os que têm os valores diretos e maternos positivos. Na Figura 31 apresenta-se a distribuição dos valores genéticos diretos e maternos estimados para o peso aos 400 dias.

**Figura 32. Variação ao longo do tempo dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 400 dias.**



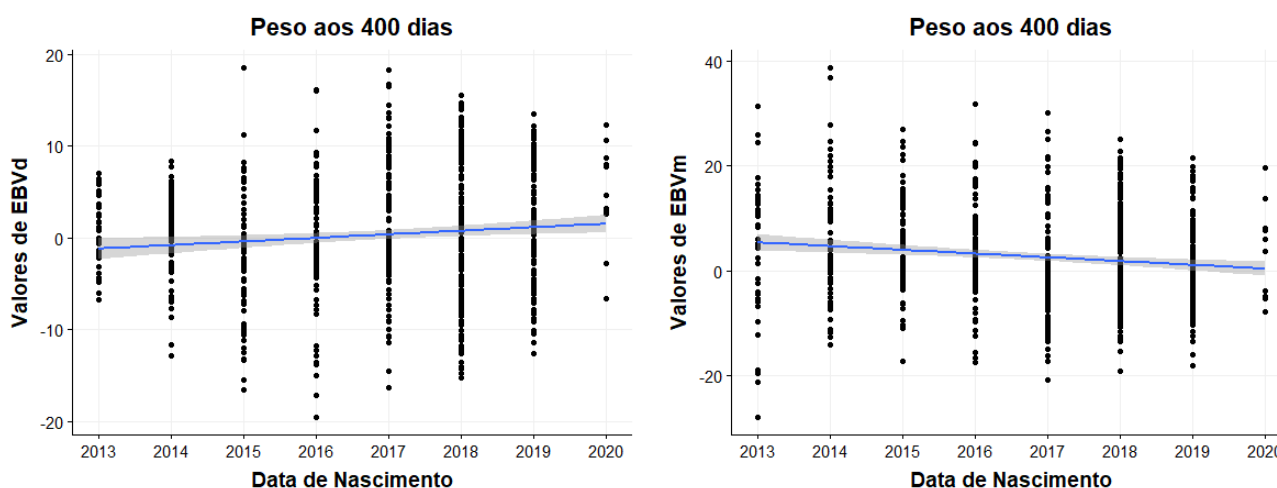
A variação dos valores de mérito genético estimados para o peso aos 400 dias ao longo dos anos é apresentada na Figura 32. Ao comparar o ano de 2013 com o ano de 2020 verifica-se que existe um aumento dos valores de mérito genético direto e uma diminuição dos valores de mérito genético materno.

A análise de regressão foi realizada tal como para as outras características e os resultados são apresentados na Tabela 17 e na Figura 33.

**Tabela 17. Análise de regressão dos valores de mérito genético diretos e maternos de peso aos 400 dias estimados no ano de nascimento**

Peso aos 400 dias	R <sup>2</sup> (aj.)	Intercept	Coef. regressão	p
EBVd	0,0098	0,002	0.029	0.004
EBVm	0,018	0,002	-0.027	p<0,001

**Figura 33. Regressão dos valores de mérito genético direto e materno estimados para o peso aos 400 dias no ano de nascimento.**



Com base na análise realizada ao peso aos 400 dias pode concluir-se que existe uma relação linear tanto entre os valores diretos, bem como os valores maternos e a data de nascimento, sendo que houve uma maior significância estatística nos resultados da característica materna ( $p > 0,001$ ). O coeficiente de regressão foi positivo nos valores diretos e negativo nos valores maternos, o que não é desejável no caso de criação de animais Angus em raça pura, em que se pretende um melhoramento equilibrado dos dois componentes (direto e materno). No entanto, se o objectivo for seleccionar touros Angus para usar em cruzamento terminal, o foco essencial (ou até mesmo único) deverá ser nos efeitos genéticos directos.

Observou-se um aumento de 0,29 kg ao ano na componente direta e uma diminuição de 0,027 kg/ano na componente materna. Para além disto, estes resultados são concordantes com os resultados dos valores obtidos pelo *Breedplan*, nos quais também se verificou um aumento, ainda que mais elevado ao registado neste trabalho. A diferença existente na magnitude dos resultados das duas análises realizadas deveu-se ao menor número de dados disponíveis para a realização da análise intra-exploração e, também, ao facto de que a amostra analisada não coincidir com a amostra de animais com valores de mérito genético estimados pelo *Breedplan*.



#### 4. Discussão

O presente capítulo tem como objetivo a análise dos valores do mérito genético calculados pelo *Breedplan*, como dos valores do mérito genético obtidos neste trabalho e, assim, realizar uma comparação entre as duas estimativas. É importante notar que para calcular os mesmos valores de mérito genético, são realizadas duas análises distintas, isto é, O *Breedplan* utiliza modelos mais complexos e um maior número de fatores ambientais de diferenciação dos animais. Para além disto, a análise dos animais portugueses é realizada em conjunto com os animais da raça no Reino Unido e, posteriormente ajustados com os animais aparentados no resto do mundo. Deve também ser referido que a amostra analisada nas duas análises não corresponde exatamente, visto existirem animais com valores fenotípicos que não foram inscritos na Associação e, assim, não possuem valores de EBVs calculados pelo *Breedplan*.

Ao analisarem-se os dados fenotípicos disponíveis da exploração AgriAngus, usados na análise intra-exploração, constatou-se que o peso médio ao nascimento (36,68 kg) era ligeiramente inferior ao reportado por Torres-Vázquez et al. (2018), que obtiveram, para o peso ao nascimento, um valor médio de 38,05 kg. Porém, para o peso médio aos 200 dias (263,46 kg), aos 400 dias (473,23 kg) e aos 600 dias (601,63 kg), aquele trabalho revelou valores inferiores de 229,37 kg, de 371,27 kg e de 511,71 kg, respetivamente. Num outro estudo (Goldberg and Ravagnolo 2015), tanto os pesos médios ao nascimento como aos 200 dias foram inferiores aos obtidos no presente estudo.

As diferenças existentes nos dados fenotípicos recolhidos também se devem a fatores não genéticos, tais como o ano e o mês de nascimento, e não apenas a fatores genéticos. Pelo que, num programa de melhoramento animal por seleção é pretendido que os valores genéticos estimados sejam precisos, isto é, para cada característica as influências ambientais têm de ser identificadas e minimizadas (Carolino et al. 1998).

Os efeitos ambientais considerados neste estudo foram, em primeiro lugar, o ano e o mês de nascimento. Os resultados evidenciam as diferentes condições ambientais a que os animais são sujeitos, principalmente quando a qualidade e quantidade da base da sua alimentação depende das condições climáticas. Os animais nascidos no Outono-Inverno são os que apresentam melhores resultados nos pesos ao nascimento e aos 200 dias, por beneficiarem de melhores condições ambientais na altura da Primavera, tal como foi observado na raça Charolesa em Portugal (Franco 2021). Para o peso aos 400 dias os melhores resultados obtêm-se nos meses de Fevereiro e Setembro. Tal acontece, possivelmente, porque os animais que nascem em Fevereiro atingem os 400 dias na Primavera, e os que nascem em Setembro são desmamados na Primavera.

Khan et al. (2019) estudaram os fatores que influenciavam o crescimento em animais cruzados de Angus, Simmental, Hereford e Charolês e, verificaram que os animais nascidos durante o Inverno apresentam uma variação significativa do peso ao nascimento e aos 400 dias. Na raça Alentejana, em Portugal, Carolino et al. (2006) referiram que animais nascidos no Inverno apresentavam uma superioridade média de 12,5 kg, no peso aos 210 dias, em relação aos animais nascidos na Primavera ou Verão.

Em todas as características de peso verifica-se que os machos apresentam melhores resultados em comparação com as fêmeas, o que está de acordo com diversos estudos que apontam o dimorfismo sexual existente nos bovinos. O mesmo se verificou em Portugal nas raças Limousine (Carolino 1999) e Alentejana (Carolino et al. 2006).

Em relação à idade da mãe ao parto, verifica-se que vacas com idades compreendidas entre os 4 e os 8 anos de idade têm vitelos mais pesados ao nascimento e aos 200 dias de idade, enquanto que, para o peso aos 400 dias o intervalo é ligeiramente superior (até aos 12 anos). Estes resultados estão de acordo com a literatura, visto as vacas mais jovens apresentarem uma menor produção de leite por priorizarem o crescimento corporal e, por outro lado, as vacas mais velhas apresentam um menor desempenho produtivo. No Brasil, Sonohata et al. (2013), também observaram que as mães com idades compreendidas entre os 6 e os 10 anos produziram vitelos mais pesados ao nascimento e aos 205 dias. Em Portugal, também se observou a mesma tendência na raça Limousine (Carolino 1999).

Relativamente aos parâmetros genéticos, considerando o que é comumente encontrado na literatura, seria de se esperar existirem valores da heritabilidade de efeitos diretos mais elevados que os de efeitos maternos e, existir uma correlação negativa entre ambos. Para a característica do peso ao nascimento, esta tendência verifica-se. Nos Estados Unidos, num estudo comparativo entre as raças Angus e Hereford, Johnson et al. (1992) encontraram valores de heritabilidade de efeitos diretos (0,42) e maternos (0,22) aproximados aos obtidos neste estudo. O mesmo se verificou num estudo realizado exclusivamente em animais da raça Angus, no Canadá, no qual se estimaram valores de heritabilidade de efeitos diretos e maternos ligeiramente mais elevados, de 0,45 e 0,18, respetivamente (Rasali et al. 2005).

Para a característica do peso aos 200 dias, os valores encontrados no presente trabalho não seguem a tendência geral, visto estimar-se uma correlação positiva entre os valores da heritabilidade de efeitos diretos e maternos. Para além disso, o valor da heritabilidade de efeitos diretos é inferior ao estimado para a característica de peso ao nascimento. Nos Estados Unidos, Núñez-Dominguez et al. (1993), com animais da raça Angus, obtiveram valores da heritabilidade de efeitos diretos para o peso aos 200 dias de

0,58, também menores do que para o peso ao nascimento (0,62) e, registaram uma correlação entre valores da heritabilidade de efeitos diretos e maternos positiva para esta característica (0,25). No Canadá, Rasali et al. (2005), também estimaram valores da heritabilidade de efeitos diretos e maternos superiores (0,45 e 0,18, respetivamente) aos encontrados neste estudo. Também nos Estados Unidos, Kaps et al. (1999), registaram valores mais elevados aos encontrados neste trabalho, tanto para a heritabilidade de efeitos diretos, como para a de efeitos maternos (de 0,53 e 0,18, respetivamente).

Para a característica do peso aos 400 dias, a heritabilidade de efeitos diretos apresentou valores inferiores ao esperado, visto existir uma menor influência materna nesta fase da vida do animal: a heritabilidade de efeitos maternos deveria ser inferior à de efeitos diretos, o que não se verificou neste trabalho. No Canadá, Rasali et al. (2005), referem valores da heritabilidade de efeitos diretos (0,79) bastante mais elevados aos deste estudo e, por outro lado, o valor de heritabilidade de efeitos maternos é mais baixo (0,12). Também Núñez-Dominguez et al. (1993) referem um valor da heritabilidade de efeitos diretos mais elevado (0,56) e de efeitos maternos mais baixo (0,14). É importante referir que apesar dos valores da heritabilidade de efeitos maternos registados neste trabalho terem sido superiores aos referidos nos estudos referenciados, não foram superiores aos da heritabilidade de efeitos diretos desses mesmos estudos.

Por último, para a característica do perímetro escrotal, sobre a qual se considera não existir influência materna, ela registou a heritabilidade mais elevada das características analisadas (0,48), apresentando-se dentro dos valores esperados (0,41-0,46) (Martínez-Velázquez et al. 2003; Boldt et al. 2018).

É importante referir que a seleção nos bovinos de carne é realizada principalmente para as características de crescimento pela facilidade de medição, pela elevada correlação do nascimento até à idade adulta e ainda, pela resposta positiva à seleção, graças aos elevados valores da heritabilidade destas características (Chud et al. 2014). Porém, a seleção para o peso a determinada idade do desenvolvimento pode contribuir para maiores valores de peso adulto, o que também faz aumentar as necessidades de manutenção e, consequentemente, os custos com a alimentação. Para além disso, os animais de maior tamanho têm-se mostrado menos eficientes, reprodutiva e produtivamente, que os animais de menor tamanho, quando avaliados em sistemas de produção semelhantes (Beltrán et al. 1992). Deste modo, a seleção das características de crescimento deve ser realizada com precaução pelas consequências que podem advir da mesma. Assim sendo, neste trabalho, foi dada uma maior importância às características do peso ao nascimento, aos 200 e aos 400 dias, visto existir um maior número de dados que suportam os resultados obtidos.

Na característica do peso ao nascimento, em ambas as análises, registou-se uma tendência genética positiva. No entanto, os valores estimados pelo *Breedplan* apresentaram uma magnitude ligeiramente superior (97 g/ano), em comparação com a análise intra-exploração (36 g/ano). Estes resultados podem dever-se ao facto de o número de dados tratados na análise intra-exploração ter sido inferior aos tratados pelo *Breedplan*.

Num estudo semelhante (Silva II et al. 2012), realizado no Brasil, com a raça Brangus, é reportada uma tendência genética de -0,001 kg/ano nos efeitos genéticos diretos, revelando uma diminuição do peso ao nascimento no período compreendido entre 1995 e 2004. Também no Brasil, num estudo realizado em animais da raça Angus, foi encontrada uma tendência genética para a característica do peso ao nascimento de 17,5 g/ano. Esta tendência, apesar de inferior à calculada através dos resultados do *Breedplan*, encontra-se em conformidade com os resultados do presente estudo. Por outro lado, Parra-Bracamonte et al. (2016) analisaram as tendências genéticas das características de peso nas diferentes fases do crescimento em animais da raça Charolesa, que apresentaram uma tendência negativa no mérito genético da característica de peso ao nascimento de -0,18 kg/ano.

A preocupação com um possível registo de uma tendência positiva na característica do peso ao nascimento é um possível aumento correlacionado da dificuldade de parto e da duração da gestação (Arnold et al. 1990; Southern Beef Technology Services and Tropical Beef Technology Services 2016). No presente estudo, confirmou-se um aumento na característica da dificuldade de parto, porém, o mesmo não se verificou na característica da duração da gestação (tendência genética de -0,205 dias/ano). A diminuição da facilidade de parto pode ter um impacto negativo na rentabilidade da exploração, não só pelo aumento dos custos veterinários, mas também pela potencial perda do vitelo e/ou da mãe, bem como a redução da fertilidade da vaca em futuras beneficiações. Ao reduzir-se a fertilidade da vaca, o intervalo entre partos irá alongar-se, o que também contribui negativamente para a economia da exploração (Boon and Signet Breeding Services 2015). Deve também ser referido que a raça Aberdeen-Angus é reconhecida por ter uma elevada facilidade ao parto (Aberdeen-Angus Portugal 2019b), sendo até, por vezes, utilizada em cruzamento com primíparas de outras raças de forma a reduzir a probabilidade de distócia.

Em diversos estudos é referido que o peso ao nascimento está positivamente correlacionado com as demais características de crescimento, o que significa que a seleção de uma das características resulta na evolução de outra(s) (Botstein et al. 1980; Arnold et al. 1990). Posto isto, é possível que a evolução, agora registada, para esta característica seja uma consequência da evolução das demais características do peso (peso aos 200, aos 400 e aos 600 dias).

Para o peso ajustado aos 200 dias, os resultados do presente estudo foram contraditórios, visto existir uma tendência de efeitos diretos positiva ao analisarem-se os dados estimados pelo *Breedplan* (402 g/ano) e, uma tendência negativa ao estimar o mérito genético dos animais presentes na exploração (-29 g/ano). A tendência genética de efeitos maternos é também positiva nos dados estimados pelo *Breedplan* (350 g/ano), correspondendo à característica da produção leiteira. Estes resultados estão em acordo com os objetivos do produtor de aumento da performance produtiva, e são positivos, uma vez que, tanto o EBV da produção leiteira, como o EBV do peso aos 200 dias contribuem para um aumento do peso aos 200 dias (Marston et al. 1992). Porém, sabe-se existir uma correlação negativa entre os EBVs da produção leiteira e os EBVs do peso aos 200 dias (Toušová et al. 2015), dado serem a componente materna e direta, respectivamente, do mérito genético estimado para o peso aos 200 dias, pelo que, não é clara a razão de existir um aumento ao longo do tempo, tanto na componente materna como na direta, situação constatada pelos resultados do *Breedplan*.

Apenas num estudo, realizado em animais da raça Angus, nos Estados Unidos, foi observada uma tendência genética de efeitos diretos do peso ao desmame muito superior aos resultados apresentados no presente estudo, de 1,8 kg/ ano (Zollinger and Nielsen 1984). No Brasil, Weber et al. (2009), com Angus, referiram uma tendência de efeitos diretos de 220,9 g/ano, que apesar de inferior, aproxima-se aos resultados agora apresentados.

Por outro lado, em animais Angus cruzados com Nellore, Araújo et al. (2010), apresentaram uma tendência genética positiva de efeitos diretos de 0,221 kg/ano e negativa de efeitos maternos de -0,312 kg/ano e, com animais da raça Brangus, foi igualmente observada uma tendência genética semelhante, de 0,107 kg/ano (Silva II et al. 2012). Por outro lado, na raça Charolesa, Parra-Bracamonte et al. (2016) encontraram uma tendência genética de efeitos diretos de 0,446 kg/ano, ligeiramente superior à deste trabalho.

Foi com o peso aos 400 dias que se registaram os resultados mais satisfatórios, visto verificar-se um aumento de 1546 g/ano nos valores genéticos estimados pelo *Breedplan*, e de 29 g/ano na componente direta dos valores estimados na análise intra-exploração. Constatando-se, simultaneamente, uma diminuição na componente materna (-27 g/ano). Silva II et al. (2012), referem uma tendência genética de efeitos diretos, em animais da raça Brangus no Brasil, de 0,177 kg/ano e, em animais da raça Charolesa, no México, foi encontrada uma tendência de 0,885 kg/ano, o que faz com que os resultados apresentados neste trabalho sejam superiores.

Ao selecionar para o peso aos 400 dias, o produtor espera ter uma resposta positivamente correlacionada com o peso ao nascimento, com o peso aos 200 dias, com a

área pélvica e, em menor proporção, com perímetro escrotal (Arthur and Herd 2006). Esta correlação foi encontrada em outros estudos e sugere que a seleção para o peso aos 400 dias pode ser tão eficaz ou preferível à seleção diretamente para o peso ao desmame (Koch 1978). É importante referir que ao existir um aumento correlacionado na área pélvica quando existe um aumento correlacionado do peso ao nascimento, a preocupação com a distócia reduz-se, isto é, apesar do aumento do peso ao nascimento poder aumentar a dificuldade ao parto, há igualmente, um aumento da área pélvica dos descendentes, o que poderá travar um possível aumento da dificuldade de parto.

Em relação às tendências genéticas registadas nas características do peso aos 600 dias e peso adulto, nas quais apenas se analisaram as estimativas do *Breedplan*, elas são, de certa forma prejudiciais por atingirem valores bastante elevados. Um aumento considerável no peso adulto implica um aumento das necessidades de manutenção da vacada e consequentemente, um aumento nos custos de alimentação. Quando as necessidades de manutenção não são supridas, a eficiência reprodutiva pode ficar comprometida, e trabalhos recentes referem uma relação desfavorável entre o peso adulto, o número de vitelos desmamados e o peso total desmamado por vaca (Snelling et al. 2019). Para além disso, vacas mais pesadas podem levar mais tempo a ficarem gestantes e a terem gestações mais prolongadas. Ao existir evidência de que o aumento no peso adulto se deve maioritariamente a fatores ambientais, e em menor medida a fatores genéticos (Burrow and Prayaga 2004), é possível utilizarem-se estratégias de gestão para que haja uma seleção para elevadas taxas de crescimento, sem que o peso adulto aumente na vacada.

O perímetro escrotal apenas apresentou resultados significativos na análise intra-exploração, com uma tendência genética positiva, apresentando um aumento de 0,51 cm/ano. Num estudo semelhante realizado no Brasil, com animais da raça Brangus, é referida uma tendência genética inferior, de 0,001 cm/ano (Silva II et al. 2012).

Existem estudos que demonstraram que a seleção para o crescimento elevado resulta num aumento significativo do diâmetro escrotal (Burrow and Prayaga 2004), pelo que este aumento nos valores do EBV do perímetro escrotal pode ser explicado pelo aumento nos valores dos EBVs do peso nas diferentes idades.

Existem algumas dúvidas sobre as consequências do aumento do perímetro escrotal na fertilidade. No entanto, diversos estudos revelaram que este aumento tem resultados positivos na idade da puberdade das novilhas (Burrow and Prayaga 2004). Para além disto, por ser uma característica de fácil medição e ter uma heritabilidade relativamente elevada é provável que a fertilidade da fêmea seja mais facilmente melhorada através da seleção

indireta do perímetro escrotal, do que através da seleção direta das suas características reprodutivas (Burrow and Prayaga 2004).

Em relação às características da carcaça analisadas destacam-se os resultados na característica do rendimento de desmancha e de área do *Longissimus dorsi*, que apresentaram tendências genéticas positivas e significativas de 0,108 %/ano e 0,156 cm<sup>2</sup>/ano, respetivamente. Porém, apenas existem estimativas até ao ano de 2015, não sendo possível, por tal facto, assumir se esta tendência se verifica atualmente.

#### IV. Conclusões Gerais

Este estudo serviu para a análise da evolução genética de animais da raça Aberdeen-Angus criados na exploração AgriAngus. Estes animais ao estarem inscritos num programa de melhoramento genético, o *Breedplan*, foi possível comparar as estimativas do mérito genético do *Breedplan* com as realizadas neste trabalho numa análise intra-exploração.

A importância da realização deste estudo deve-se, não só, ao facto de a raça Aberdeen-Angus apresentar uma crescente expressão em Portugal, mas também, à crescente preocupação pela sustentabilidade na produção animal. Posto isto, o melhoramento animal através da seleção é uma forma de tornar a produção mais eficaz, isto é, que de um animal com os mesmos recursos se obtenha uma maior ou melhor produção.

Com a realização deste trabalho conclui-se que a seleção realizada nesta exploração permitiu um melhoramento genético, nos últimos 7 anos, em todas as características analisadas. Apesar da análise intra-exploração não ter revelado resultados tão positivos como a análise dos valores estimados pelo *Breedplan*, é possível verificar a existência de uma tendência positiva em ambas. Segundo as estimativas realizadas pelo *Breedplan*, ao longo deste período de tempo, verifica-se um aumento nos valores de mérito genético direto de 0,679 kg na característica do peso ao nascimento, de 2,814 Kg na característica de peso aos 200 dias, de 10,82 kg na característica do peso aos 400 dias, de 12,005 kg na característica do peso aos 600 dias e de 2,415 kg na característica da produção leiteira. Para além destes resultados, destacam-se a diminuição de 1,435 dias na característica da duração da gestação e o aumento de 0,434 cm na característica do perímetro escrotal.

Neste estudo, verificou-se igualmente, que a influência dos efeitos fixos ano de nascimento, mês de nascimento, sexo e idade da mãe se encontram em concordância com o referido na literatura.

É importante referir que este trabalho, ao ter sido elaborado com base num volume de dados reduzido, é insuficiente para caracterizar geneticamente a população Aberdeen-Angus existente em Portugal. Pelo que, de futuro, seria interessante a realização de um estudo genético mais abrangente da raça e, desta forma, analisar-se a evolução produtiva desde a introdução da raça no país.



## V. Referências Bibliográficas

Aberdeen-Angus Portugal. 2019a. *Breedplan* - Resumo das Características Avaliadas. Espaço Angus Mag 2019.(28-30(84)).

Aberdeen-Angus Portugal. 2019b. A Raça. [accessed 2020 Apr 1]. <http://www.aberdeen-angus.pt/a-raca/>.

Aberdeen-Angus Portugal. 2019c. Origem e História. [accessed 2020 Mar 18]. <http://www.aberdeen-angus.pt/origem-e-historia/>.

Agriculture Business Research Institute. 2019a. *Breedplan* International Brochure. [accessed 2020 Sep 15]. <http://Breedplan.une.edu.au>.

Agriculture Business Research Institute. 2019b. Understanding Milk EBVs.

American Angus Association. 2019. Brief History of Angus. [accessed 2020 Mar 31]. <http://www.angus.org/General/gnrlGeneralInfo.aspx>.

Anderson B. 2010. Expansion of Aberdeen-Angus throughout the world. Espaço Angus Mag N°1 2010.:42–43.

Angus Society of Australia. 2010. Angus na Austrália. Espaço Angus Mag N°1 2010.:32.

Araújo O, Nogara P, Weber T, Magda D, Silva J, De Almeida M. 2010. Genetic parameters and phenotypic and genetic trends for weight at weaning and visual scores during this phase estimated for Angus-Nellore crossbred young bulls Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para peso a desmama e escores visuais. Rev Bras Zootec. 39:2398–2408. <http://www.scielo.br/pdf/rbz/v39n11/v39n11a12.pdf>.

Arnold JW, Bertrand JK, Benyshek LL, Comerford JW, Kiser TE. 1990. Selection for low birth weight and high yearling weight in angus beef cattle. Livest Prod Sci. 25(1–2):31–41. doi:10.1016/0301-6226(90)90039-9. [accessed 2020 Oct 27]. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/0301622690900399>.

Arriazu ML. 2019. La visión del INTA a 30 años de la creación del E.R.A. Asoc Argentina Angus - Rev Angus N° 284.:24–28.

Arthur PF, Herd RM. 2006. Selection for growth and feed efficiency - the australian experience. JIFS.:59–66.

Asociación Argentina de Angus. 2010. A raça Angus na Argentina. Espaço Angus Mag N°1 2010.:37–38.

Beltrán JJ, Butts WT, Olson TA, Koger M. 1992. Growth patterns of two lines of Angus cattle selected using predicted growth parameters. *J Anim Sci.* 70(3):734–741. doi:10.2527/1992.703734x. [accessed 2020 Oct 28]. <https://academic.oup.com/jas/article/70/3/734-741/4705810>.

Boldman K, Pioneer D, Vleck LD Van, Kachman SD. 1993. A manual for use of MTDFREML - a set of programs to obtain estimates of variances and covariances. ARS-USDA.:2–3.

Boldt RJ, Speidel SE, Thomas MG, Enns RM. 2018. Genetic parameters for fertility and production traits in Red Angus cattle. *J Anim Sci.* 96(10):4100–4111. doi:10.1093/jas/sky294.

Boon S, Signet Breeding Services. 2015. Breeding Female Replacements for the Suckler Herd Key messages. Plus +.:1–25.

Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW. 1980. Botstein. *Am J Hum Gen.* 32:314–331. papers2://publication/uuid/0B80518E-A22B-41F3-BE43-171F51007E42.

Briggs HM& DMB. 1980. Modern Breeds of Livestock. Fourth Edition. Macmillan Publishing Co.

Bundesverband Deutscher Angushalter e.V. 2010. A raça Aberdeen-Angus na Alemanha. Espaço Angus Mag Nº1 2010.

Burrow HM, Prayaga KC. 2004. Correlated responses in productive and adaptive traits and temperament following selection for growth and heat resistance in tropical beef cattle. *Livest Prod Sci.* 86(1–3):143–161. doi:10.1016/j.livprodsci.2003.06.001. [accessed 2020 Nov 23]. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0301622603001969>.

Canada Angus Association. 2016. Canada Angus Association Annual Report. [accessed 2020 Jul 7]. <https://www.cdnangus.ca/wp-content/uploads/Annual-Report-2015.pdf>.

Canadian Angus Association. History - Canadian Angus Association. [accessed 2020 Jun 27]. <https://www.cdnangus.ca/about-caa/history/>.

Carolino N. 1999. Estimativa de parâmetros genéticos, fatores de correlação e avaliação genética para caracteres de crescimento e conformação em bovinos da Raça Limousine. Faculdade de Medicina Veterinária (FMV) - Universidade Técnica de Lisboa.

Carolino N. 2017. Estratégias de seleção nas espécies pecuárias. Alt-Biotech. A genética(Coleção C3i, nº 9).

Carolino N, Gama L, Carolino R. 1998. Efeitos genéticos e ambientais no intervalo

entre partos num efectivo bovino Mertolengo Genetic and environmental effects on calving interval in a herd of Mertolenga cattle. :1–17.

Carolino N, Gama LT da, Silva BL, Espadinha P. 2006. Parâmetros genéticos de características da carcaça em bovinos da raça Alentejana.

Chud TCS, Caetano SL, Buzanskas ME, Grossi DA, Guidolin DGF, Nascimento GB, Rosa JO, Lôbo RB, Munari DP. 2014. Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nellore beef cattle. *Livest Sci.* 170:16–21. doi:10.1016/j.livsci.2014.09.024. [accessed 2020 Oct 28]. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1871141314004910>.

Corrêa M, Dionello N, Cardoso F. 2007. Efeito da interação genótipo-ambiente na avaliação genética de bovinos de corte. *Rev Bras agrociencia.* 13(2):153–159. doi:10.18539/cast.v13i2.1355.

Costa P. 2018. 10 anos de Livro Genealógico, o caminho vai-se fazendo. *Espaço Ang(1)*:6–10.

Danish Angus Association. 2010. A Aberdeen Angus na Dinamarca. *Espaço Angus Mag Nº1* 2010.

Espasandin AC, Urioste JI, Campos LT, Alencar MM de. 2011. Genotype × country interaction for weaning weight in the Angus populations of Brazil and Uruguay. *Rev Bras Zootec.* 40(3):568–574. doi:10.1590/s1516-35982011000300014.

Falconer DS, Mackay TFC. 1996. *Introduction to Quantative Genetics*. Pearson Education India.

FAO. 2009. Métodos de mejora genética en apoyo de una utilización sostenible. Estado la cuestión en la gestión los Recur zoogenético.:417–467. <http://www.fao.org/docrep/012/a1250s/a1250s18.pdf>.

Farmers Weekly. 2016. Manipulating EBVs counterproductive for beef producers. *Farmers Weekly*, Oct 6. [accessed 2020 Sep 15]. <https://www.fwi.co.uk/livestock/beef/manipulating-ebvs-counterproductive-beef-producers>.

Fee D. 2010. Canadian Angus Association. *Espaço Angus Mag Nº1* 2010.:30–31.

Food and Agriculture Organisation. 2020. FAOSTAT. [accessed 2021 Jan 22]. <http://www.fao.org/faostat/en/#data>.

Franco FSM. 2021. Evolução genética da raça bovina Charolesa em Portugal nos últimos 23 anos. Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade de Lisboa.

- Gama LT da. 2002. *Melhoramento Genético Animal*. Escolar Ed. Lisboa, Portugal.
- Gama LT da, Matos CP de, Carolino N. 2004. *Modelos Mistos em Melhoramento Animal*. Direção Ge. Arquivos Veterinários.
- Goldberg V, Ravagnolo O. 2015. Description of the growth curve for Angus pasture-fed cows under extensive systems. *J Anim Sci*. 93(9):4285–4290. doi:10.2527/jas.2015-9208.
- Graser HU, Tier B, Johnston DJ, Barwick SA. 2005. Genetic evaluation for the beef industry in Australia. *Aust J Exp Agric*. 45(7–8):913–921. doi:10.1071/EA05075.
- Guerrico I, Pera M de los Á, Fresco N. 2019. Los sectores de la Asociación: Registros Angus. *Asoc Argentina Angus - Rev Angus* N° 286.:50–53.
- Johnson ZB, Wright DW, Brown CJ, Bertrand JK, Brown AH. 1992. Effect of including relationships in the estimation of genetic parameters of beef calves. *J Anim Sci*. 70(1):78–88. doi:10.2527/1992.70178x.
- Kaps M, Herring WO, Lamberson WR. 1999. Genetic and Environmental Parameters for Mature Weight in Angus Cattle. *J Anim Sci*. 77(3):569–574. doi:10.2527/1999.773569x.
- Khan MA, Mirza RH, Akhtar M, Mubeen M, Shakeel M, Irfan M. 2019. Factors affecting growth performances of simmental, angus, charolais and hereford beef crossbred calves under sub-tropical environment of Pakistan. *J Anim Plant Sci*. 29(2):396–401.
- Koch RM. 1978. Selection in Beef Cattle III. Correlated Response of Carcass Traits to Selection for Weaning Weight, Yearling Weight and Muscling Score in Cattle. *J Anim Sci*. 47(1):142–150. doi:10.2527/jas1978.471142x. [accessed 2020 Nov 19]. <https://academic.oup.com/jas/article/47/1/142-150/4699930>.
- Lindholm-Perry AK, Sexten AK, Kuehn LA, Smith TPL, King DA, Shackelford SD, Wheeler TL, Ferrell CL, Jenkins TG, Snelling WM, et al. 2011. Association, effects and validation of polymorphisms within the NCAPG - LCORL locus located on BTA6 with feed intake, gain, meat and carcass traits in beef cattle. *BMC Genet*. 12. doi:10.1186/1471-2156-12-103.
- MacDonald J, Sinclair J. 1910. *History of Aberdeen-Angus Cattle*. London: Vinton & Company, Ltd.
- Machado L. 2016a. Establishment of the breed in Portugal. *Espaço Angus Mag.*:48–49.
- Machado L. 2016b. Cattle Numbers and livestock production in Portugal. *Espaço Angus Mag.*:48–49.

Malin DF. 1923. The Evolution of Breeds: An Analytical Study of Breed Building As Illustrated in Shorthorn, Hereford and Aberdeen Angus Cattle Poland China and Duroc Jersey Swine. Wallace Publishing co. [accessed 2020 Mar 31]. <https://ia801702.us.archive.org/8/items/evolutionofbreed00mali/evolutionofbreed00mali.pdf>.

Martínez-Velázquez G, Gregory KE, Bennett GL, Van Vleck LD. 2003. Genetic relationships between scrotal circumference and female reproductive traits. *J Anim Sci*. 81(2):395–401. doi:10.2527/2003.812395x.

Matos JE. 2010. A raça Aberdeen Angus.pdf. Espaço Angus Mag N°1 2010.:15–23.

de Mello Klocker Vasconcellos LP, Tambasco-Talhari D, Pozzi Pereira A, Lehmann Coutinho L, de Almeida Regitano LC. 2003. Genetic characterization of Aberdeen Angus cattle using molecular markers. *Genet Mol Biol*. 26(2):133–137. doi:10.1590/s1415-47572003000200005.

Núñez-Dominguez R, Van Vleck LD, Boldman KG, Cundiff L V. 1993. Correlations for genetic expression for growth of calves of Hereford and Angus dams using a multivariate animal model. *J Anim Sci*. 71(9):2330–2340. doi:10.2527/1993.7192330x.

Oklahoma State University. 2021. Breeds of Livestock - Red Angus Cattle — Breeds of Livestock, Department of Animal Science. [accessed 2020 Mar 18]. <http://afs.okstate.edu/breeds/cattle/angus/index-2.html>.

Parra-Bracamonte GM, Lopez-Villalobos N, Morris ST, Sifuentes-Rincón AM, Lopez-Bustamante LA. 2016. Genetic trends for live weight traits reflect breeding strategies in registered Charolais Farms in Mexico. *Trop Anim Health Prod*. 48(8):1729–1738. doi:10.1007/s11250-016-1150-2.

Pitchford W. 2014. Simultaneous genetic improvement of maternal productivity, feed efficiency and end-product traits in variable environments.

Rasali DP, Crow GH, Shrestha JNB, Kennedy AD. 2005. Multiple trait estimates of genetic parameters for juvenile growth and calving traits in Canadian Angus cattle.

Reverter A, Johnston DJ, Ferguson DM, Perry D, Goddard ME, Burrow HM, Oddy VH, Thompson JM, Bindon BM. 2003. Genetic and phenotypic characterisation of animal, carcass, and meat quality traits from temperate and tropically adapted beef breeds. 4. Correlations among animal, carcass, and meat quality traits. *Aust J Agric Res*. 54(2):149–158. doi:10.1071/AR02088.

Rolf M. 2015. Genetic Correlations and Antagonisms. [accessed 2020 Nov 19]. [https://beef-cattle.extension.org/wp-content/uploads/2019/09/2015-6\\_Genetic-Correlations-](https://beef-cattle.extension.org/wp-content/uploads/2019/09/2015-6_Genetic-Correlations-)

and-Antagonisms\_Arial\_1.pdf.

Rosa A do N, Martins EN, Menezes GR de O, Silva LOC da. 2013. Melhoramento genético aplicado em gado de corte. Embrapa Ga. Brasília, Brasil: Embrapa Gado de Corte.

Sanders JH. 1887. Breeds of Livestock and the principles of heredity. J. H. Sanders Publishing Company.

Silva II JAV, Marcelo ET, Ribeiro CB, Maiorano AM, Curi RA, De Oliveira HN, Da Mota MDS. 2012. Genetic analysis of growth traits and scrotal circumference in brangus cattle | Análise genética de características de crescimento e perímetro escrotal em bovinos da raça Brangus. Pesqui Agropecu Bras. 47(8):1166–1173. doi:10.1590/S0100-204X2012000800018.

Snelling WM, Kuehn LA, Thallman RM, Bennett GL, Golden BL. 2019. Genetic correlations among weight and cumulative productivity of crossbred beef cows. J Anim Sci. 97(1):63–77. doi:10.1093/jas/sky420.

Sociedad de Criadores de Aberdeen-Angus de Uruguay. 2010. Algo da história e evolução da raça Angus no Uruguai. Espaço Angus Mag Nº1 2010.:39–41.

Sonohata MM, Abreu UGP de, Oliveira DP de. 2013. Efeitos da idade da vaca sobre o peso ao nascimento e peso à desmama de bezerros criados extensivamente na sub região do Paiaguás, Pantanal Sul-Mato-Grossense. X Simpósio Bras Melhor Anim.:1–3.

Southern Beef Technology Services, Tropical Beef Technology Services. 2011. A Leap Forward in Genomic Enhanced *BREEDPLAN* EBVs. Armidale, NSW, Australia. [accessed 2020 Sep 15]. <http://redpoll.org.au/documents/SBTWinterUpdate.pdf>.

Southern Beef Technology Services, Tropical Beef Technology Services. 2016. Making Bull Selection Decisions for Heifer Matings.

The Cattle Site. 2019. Breeds - Aberdeen Angus. [accessed 2020 Mar 31]. <http://www.thecattlesite.com/breeds/beef/7/aberdeen-angus/>.

Torres-Vázquez JA, van der Werf JHJ, Clark SA. 2018. Genetic and phenotypic associations of feed efficiency with growth and carcass traits in Australian Angus cattle. J Anim Sci. 96(11):4521–4531. doi:10.1093/jas/sky325. [accessed 2021 Mar 31]. <https://academic.oup.com/jas/article/96/11/4521/5074201>.

Toušová R, Ducháček J, Stádník L, Ptáček M, Beran J. 2015. The selected factors influenced growth ability to weaning of Aberdeen Angus cattle. Acta Univ Agric Silv Mendeliana Brun. 63(2):457–461. doi:10.11118/actaun201563020457.

Weber T, Rorato PRN, Lopes JS, Comin JG, Dornelles M de A, de Araújo RO. 2009.

Genetic parameters and genetic and phenotypic trends for pre-weaning productive and conformation traits for an Aberdeen Angus breed population. Genet parameters Genet phenotypic trends pre-weaning Product Conform Trait an Aberdeen Angus breed Popul. 38(5):832–842. doi:10.1590/S1516-35982009000500008.

Wolf JB, Wade MJ. 2009. What are maternal effects (and what are they not)? Philos Trans R Soc B Biol Sci. 364(1520):1107–1115. doi:10.1098/rstb.2008.0238.

Zollinger WA, Nielsen MK. 1984. An evaluation of bias in estimated breeding values for weaning weight in Angus beef cattle field records. I. Estimates of within herd genetic trend. J Anim Sci. 58(3):556–559. doi:10.2527/jas1984.583556x. <https://sci-hub.st/https://doi.org/10.2527/jas1984.583545x>.